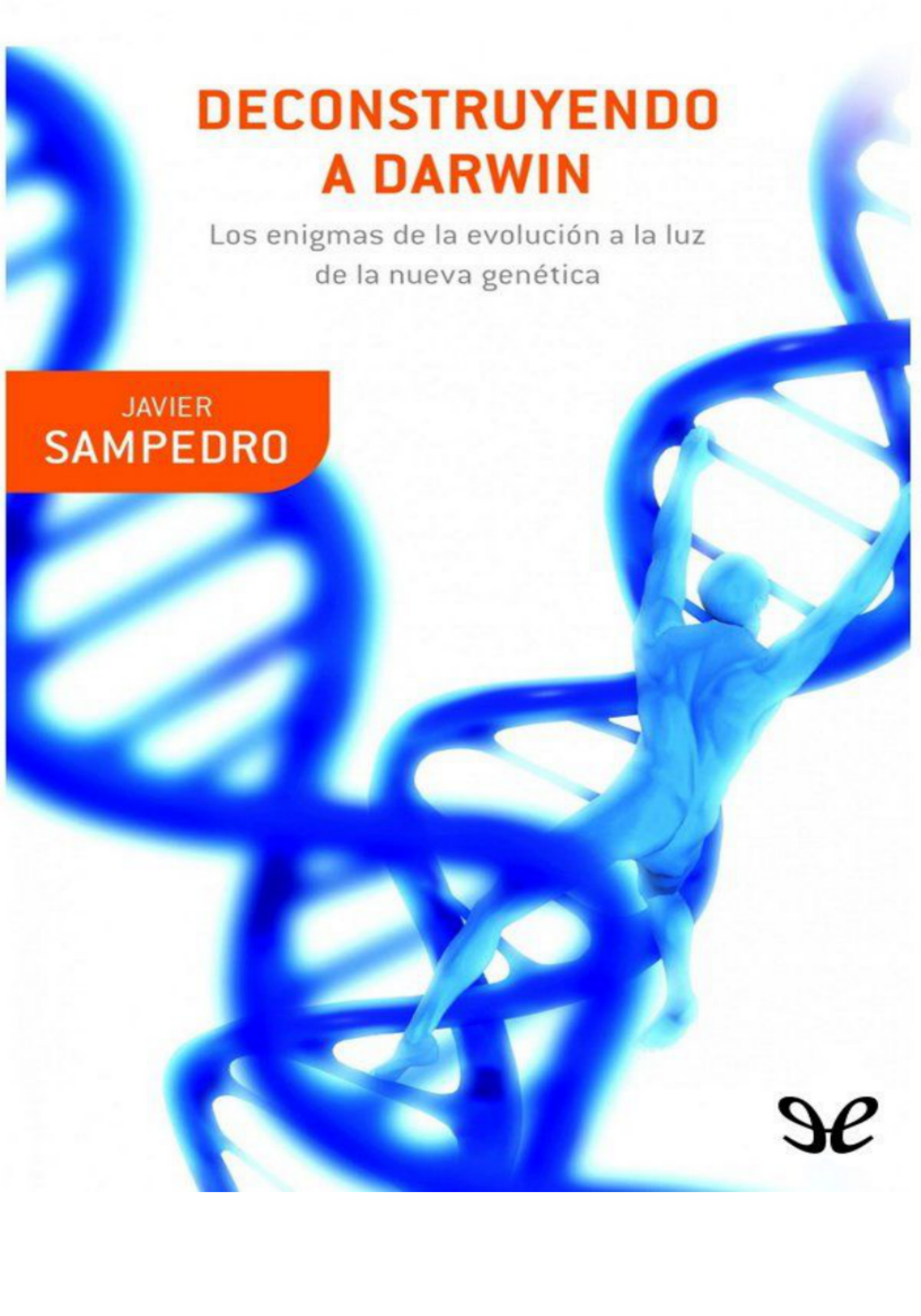

DECONSTRUYENDO
A DARWIN
Los enigmas de la evolución a la luz
de la nueva genética
JAVIER
SAMPEDRO

Éste es un libro sobre el problema de los orígenes, o sobre los múltiples problemas de los orígenes. Y, sin embargo, este libro quiere mostrar que la idea de Darwin es imperfecta: un magnífico intento inicial de atacar el problema de los orígenes, pero formulado antes de que se descubrieran las más elementales leyes de la genética, de la estructura celular, de la biología molecular y de prácticamente cualquier rama actual de las ciencias de la vida. El último siglo y medio de biología ha sido uno de los períodos más vertiginosos y reveladores de la historia del conocimiento, y las dos últimas décadas de genética han puesto patas arriba nuestras más arraigadas preconcepciones sobre la evolución y sus fuerzas. Con un estilo directo y simple —la sencillez del experto—, Sampedro ha elaborado una síntesis de todas las teorías clásicas de la evolución y sus mecanismos a la luz de los nuevos conocimientos proporcionados por la biología en las últimas dos décadas. En conjunto, el libro proporciona una visión lúcida y sintética sobre el hecho evolutivo, su origen, sus mecanismos y sus implicaciones. Todos los personajes relevantes están ahí, sus ideas y sus hallazgos expuestos y valorados, todo ello engarzado con gran lucidez.



Javier Sampedro

Deconstruyendo a Darwin

Los enigmas de la evolución a la luz de la nueva genética

ePub r1.7
Titivilus 16.08.18

Ilustraciones: Javier Sampedro
Diseño de cubierta: Jaime Fernández

Editor digital: Titivilus
ePub base r1.2



Prólogo

A principio de año recibí una llamada de Peter Lawrence desde Cambridge:

—Oye, ¿sabes algo de Javier Sampedro? Tengo que hablar con él y no lo encuentro, ni contesta a mis llamadas.

No me preocupé mucho, conociendo los hábitos moderadamente bohemios de Javier, pero llamé a la redacción de El País *y recibí una respuesta evasiva y algo misteriosa:*

—Javier no está y no vendrá por la redacción en algún tiempo.

Esto me intrigó. ¿Dónde estaba Javier? ¿Se había adherido a alguna secta religiosa de su invención? ¿O estaba de gira con un cuarteto de jazz? Finalmente di con él y con la respuesta a su desaparición: «Bueno, estoy escribiendo un libro», me confesó con el leve tartamudeo de aquellos cuya mente va siempre por delante de las palabras. El libro en cuestión es precisamente el que el lector tiene en sus manos, para el que Javier acaba de pedirme que le escriba el prólogo. Vaya por delante que éste es el primer —y seguramente el último— prólogo de mi vida.

Pero déjenme presentarles al autor. Javier Sampedro es un personaje único en muchos aspectos. Lector incansable e indiscriminado, artista muy dotado (uno de sus cuadros honra mi despacho; otro el salón de casa), inquieto por naturaleza (algo mitigado últimamente por influencia femenina), yo le conocí hace más de veinte años, cuando era el alumno más brillante de Biología de la Universidad Autónoma de Madrid. Obtuvo su doctorado, y posteriormente —me gusta pensar que en parte gracias a mi intervención— se marchó al mítico Laboratorio de Biología Molecular del Medical Research Council en Cambridge, Reino Unido. Ése es el sitio donde nació la biología molecular, y el lugar de trabajo de los fabulosos personajes que dieron a esa disciplina sustancia y estilo: Brenner, Crick, Perutz, Kendrew, Sanger, Klug, Bretcher, Lawrence… La capacidad de asimilación de Javier es notable, y su exposición a semejante ambiente marcó su percepción de los problemas biológicos. Esta percepción impregna el andamiaje intelectual de esta obra.

Este libro no trata de los recientes y extraordinarios progresos de la biología y su impacto en la sociedad, ni de cómo van a ayudar a combatir

el cáncer, el envejecimiento o la enfermedad de Alzheimer. Javier pudo haber escrito sobre estos asuntos con gran autoridad —basta leer sus crónicas del El País *para comprobarlo—, pero el asunto central aquí es la evolución, posiblemente el tema biológico más manido y sobre el que existe una bibliografía más apabullante: deben haberse editado decenas de miles de estudios sobre la materia. Además, aunque no existe consenso total sobre los mecanismos, sí que lo hay sobre el hecho incuestionable de la evolución: todos los organismos del planeta tenemos un origen común. ¿Por qué una persona inteligente como Javier habría de perder el tiempo en escribir* otro *libro sobre la evolución?* What a mad pursuit, *que diría Crick.*

La respuesta es que aún hay cosas nuevas e importantes que decir, y que nadie las ha dicho hasta ahora. Con un estilo directo y simple —la sencillez del experto—, Javier ha elaborado una síntesis de todas la teorías clásicas de la evolución y sus mecanismos a la luz de los nuevos conocimientos proporcionados por la biología en las últimas dos décadas. Aquí se funden el darwinismo estricto y el neodarwinismo, la explosión del Cámbrico con los genes Hox, las migraciones de los primeros seres humanos modernos con los últimos datos de secuencias de ADN, la genética de poblaciones con la biología molecular, la biología del desarrollo con la paleontología, la antropología con el genoma humano. En conjunto, el libro proporciona una visión lúcida y sintética sobre el hecho evolutivo, su origen, sus mecanismos y sus implicaciones. Todos los personajes relevantes están ahí, sus ideas y sus hallazgos expuestos y valorados, todo ello engarzado con el estilo inimitable de Javier.

En el panorama periodístico español es difícil imaginar alguien más preparado para explicar los hechos antiguos y recientes de la biología que Javier Sampedro. Él fue un científico brillante (seguramente es el único periodista del mundo que ha publicado un artículo en Nature*), y conoce perfectamente el lenguaje y las reglas de los científicos. Su decisión de dejar la ciencia en el momento de mayor prestigio profesional nos llenó de estupor a muchos de sus colegas —una de esas manifestaciones inescrutables de su inquietud intelectual—, pero a cambio surgió el que, en mi opinión, es el mejor periodista científico de España. Una anécdota: yo estaba con Ed Lewis en un mitin en Suiza cuando se le anunció la concesión del Premio Nobel de Medicina y Fisiología en el año 1995. Como la amistad obliga, persuadí a Ed para que le concediera una entrevista telefónica a Javier, que ya entonces trabajaba para* El País*. La entrevista se celebró, y más tarde me encontré con Ed, que todavía asombrado me dijo:*

—¿Quién es ese periodista español que me ha entrevistado? Nunca en mi vida he conocido a uno que supiera tanto de estos temas. ¡Hasta me

preguntó por el efecto de la transvección!

No hace falta que les explique aquí qué es el efecto de transvección. Bastará que les diga que es para nota: *uno de los más oscuros y difíciles temas de la genética de los Hox, los genes descubiertos por el propio Lewis.*

La biología ha experimentado tres grandes revoluciones, cada una de las cuales ha constituido un paso importante hacia una concepción unitaria del hecho biológico. La primera fue la revolución darwiniana, que puso de manifiesto el origen único, universal, de todas las especies del planeta, incluido el ser humano. La segunda fue el descubrimiento de la universalidad de la información genética, el ADN, el vehículo del cambio evolutivo. La tercera, muy reciente, ha sido la demostración de la universalidad del diseño genético de los animales. Esta concepción unitaria es la que subyace en este libro, que además no está dirigido únicamente a los interesados en los fenómenos biológicos. La influencia y el impacto, presente y futuro, de los nuevos conocimientos y tecnologías biológicas es de tal magnitud que va a marcar pronto el propio desarrollo de la sociedad humana. La cultura del siglo XXI *va a ser una cultura científico-técnica, y hechos como los expuestos en este libro han de formar parte del bagaje cultural de toda persona curiosa e informada.*

GINÉS MORATA

Agradecimientos

Fue Francis Crick quien inventó el *test del chismorreo:* uno debe dedicar su vida a aquellas cosas de las que habla sin parar en las terrazas de los bares (Crick hubiera dicho «en las chimeneas de los *pubs»,* pero tengan en cuenta que el pobre es inglés). En los últimos quince años me he dedicado a una variedad de trabajos más o menos forzados, he vivido en distintas ciudades más o menos animadas y he sufrido no menos de quince mudanzas cada vez más horribles —alguien dijo que tres mudanzas equivalen a un incendio, así que me he quemado un mínimo de cinco veces—, pero siempre me he sorprendido chismorreando sobre la misma cosa: las paradojas del darwinismo. A principios de 2001, yo sabía gracias al *test del chismorreo* que, si escribía un libro, sólo podía titularse *Siete paradojas darwinianas,* y sólo podía consistir en una crítica del darwinismo. Pero la perspectiva me quitaba el sueño. Cada vez que alguien formula una crítica al darwinismo, le acaba apareciendo un crucifijo escondido por alguna parte —o al menos alguien logra encontrárselo disimulado entre las ropas—, y el impenitente ateo que suscribe no estaba dispuesto a pasar por ese calvario. Antes callar que dar un argumento a los creacionistas. Pero en el verano de ese mismo año, chismorreando en una terraza madrileña, mi cuñada de hecho, Victoria Morán, dio con la pregunta clave:

—Pero ¿es que el darwinismo es lo contrario del creacionismo?

—Pues claro —le respondí—. Antes de Darwin todo el mundo era creacionista. Fue Darwin quien dio con una alternativa concebible a la necesidad de un creador inteligente.

No hablé más, pero me quedé rumiando y me di cuenta al poco rato de que mi respuesta era una falacia. Que Darwin hubiera matado a Dios no quería decir que toda crítica al darwinismo tuviera forzosamente que resucitarle (o resucitarLe). Este libro es la respuesta *correcta,* no falaz, a la pregunta de Victoria.

En 1982 yo era un estudiante de la especialidad de Biología Molecular en la Universidad Autónoma de Madrid, y tenía el darwinismo integrado profundamente en mis circuitos, cuando el tipo

de la pizarra se puso a hablar del gen *engrailed* de la mosca *Drosophila melanogaster:* una especie de interruptor que encamaba la esencia de la *posterioridad* de cada segmento de ese insecto. Cada segmento, según el tipo de la pizarra, estaba dividido desde el inicio del desarrollo embrionario en dos mitades, y *engrailed* era responsable de que las mitades posteriores fueran eso, mitades posteriores, y no una mera imagen especular de la mitad anterior. Recuerdo perfectamente el violento choque emocional que me produjo aquella lección. Por alguna razón que entonces no supe entender, aquello no cuadraba con mis esquemas de la evolución biológica, y recuerdo que levanté la mano para preguntarle al de la pizarra:

—Oye, oye, pero ¿eso qué es? ¿Una especie de código digital?

—Pues sí —respondió Ginés Morata—. Un código digital, exactamente.

Ése es el otro origen, el origen *remoto,* de este libro (pero deberá usted leerlo para comprender por qué).

No es extraño, por lo tanto, que Victoria Morán y Ginés Morata hayan sido las dos primeras personas en leer el manuscrito, y tampoco es extraño que sus inteligentísimos comentarios hayan mejorado enormemente su forma final. Ya les he regalado dos ejemplares dedicados, y me temo que eso es lo único que van a sacar a cambio del notable esfuerzo que han hecho por aguantarme. Buena gente, estos dos, pero no muy buenos negociantes.

Dos de mis jefes en *El País* —sí, hay más de dos: los periódicos son estructuras muy jerárquicas— saben más de ciencia que muchos científicos con los que me he topado en mi vida. Se llaman Malén Ruiz de Elvira y Sebastián Serrano, y huelga decir que también les ha tocado leer el manuscrito, y que su opinión me ha sido de una gran ayuda.

Y ésa no es la única forma en que me he beneficiado de mi periódico. En los últimos años, trabajar en *El País* me ha permitido interrogar (*entrevistar*, decimos en el gremio, pero es lo mismo) a algunos de los mejores científicos relacionados con la evolución, incluidos Ed Lewis, Steven Pinker, Max Perutz, Lynn Margulis, Radhey Gupta, Michael Ruse. Paul Churchland y, sobre todo, al gran Sidney Brenner (en esa lista hay dos premios Nobel, y otros dos que deberían serlo). Nunca he entrevistado formalmente a Antonio García-Bellido ni a Peter Lawrence, pero es mi orgullo haber buceado a placer por las vertiginosas profundidades de sus cerebros. Sí que tuve una vez una entrevista con la premio Nobel Christiane Nüsslein Volhardt, pero no se la hice yo a ella, sino ella a mí: para decidir si me concedía una beca de la European Molecular Biology Organisation. Decidió que sí

(todo el mundo puede equivocarse).

Me falta Carmen, la hermana de mi cuñada de hecho (¿conocen ese chiste sobre Tony Blair y José María Aznar?), Carmen no tiene una formación científica, pero tampoco le hace ninguna falta. Hace unos años me dijo: «Ya sé que todo eso son instintos, pero tengo la impresión de que lo que ahora son instintos fueron antes habilidades aprendidas». Supe mucho después que esa idea se llamaba *efecto Baldwin,* y que los científicos de la computación han derrochado ríos de líneas de programación sobre ella. Cuando un ordenador logre pensar, será posiblemente gracias al *efecto Baldwin* (creo que también se debe a ese efecto el hecho de que *nosotros* pensemos). El *efecto Baldwin* —el aprendizaje se hace instinto a lo largo de la evolución— no parece darwinismo, pero lo es estrictamente, y eso explica en parte que Carmen diera con la idea sin haberla leído en ningún lado. Porque tengo la convicción de que el cerebro de Carmen es prácticamente un clon del de Charles Darwin. Ríanse todo lo que quieran: ustedes no saben lo que es vivir con eso.

1

El darwinismo son dos cosas, y sólo una es un dogma

«¡Qué increíblemente estúpido no haber pensado en ello!». Ésa fue la célebre reacción del científico y reformador social británico Thomas Huxley cuando oyó por primera vez la idea de Charles Darwin. La frase, de una u otra forma, pronunciada o no en voz alta, se habrá repetido miles de veces desde entonces, cada vez que un estudiante o un lector curioso haya descubierto la teoría de la evolución por selección natural en un libro de texto o en un reportaje de la prensa dominical. ¡Qué increíblemente estúpido no haber pensado en ello!

No quiero decir simplemente que cualquier idea brillante induzca en los demás una comprensible envidia. Uno puede envidiar a Platón por su caverna, a Leibniz por el cálculo diferencial o a Schumann por cualquiera de sus *Heder.* Uno puede cocerse de resentimiento por no haber nacido con el talento de Leonardo da Vinci, J. W. von Goethe o Billy Wilder. Uno puede admirar a Cervantes hasta desearle todo lo peor. Pero nadie dice: ¡Dios mío, qué increíblemente estúpido he sido por no haber ideado la Gioconda, el Fausto o *El apartamento*! ¿Cómo he sido tan imbécil de no escribir el *Quijote*? La no muy larga historia de la ciencia está también repleta de buenas ideas, qué duda cabe, pero nadie llega al bar a la hora del aperitivo y exclama: Por los clavos de Cristo, pero ¿cómo no se me ocurrió a mí la ley de la gravitación universal, o la tabla periódica de los elementos, o la ecuación de onda de la mecánica cuántica? Uno puede admirar todas esas cosas, y envidiar a los cráneos privilegiados que las concibieron por primera vez, sí, pero nadie se flagela por no haber sido capaz de producirlas. Aceptamos que Newton, Mendeleyev y Schrödinger eran unos tipos geniales, pero también suponemos que sudaron sangre para construir esas prodigiosas arquitecturas mentales, y no estamos por la labor de revivir sus torturas en nuestras carnes. Entonces, ¿qué fue lo que hizo palidecer de envidia a Thomas Huxley?

La gran aportación de Charles Darwin al pensamiento occidental no es la idea de la evolución, como parece creer casi todo el mundo. Esa gloria le corresponde muy probablemente a su mismísimo abuelo, el médico, poeta y *gourmet* británico del siglo XVIII Erasmus Darwin. Noventa años antes de que lo hiciera su nieto. Erasmus Darwin ya había formulado y voceado las líneas básicas de la teoría de la evolución, una idea que no sólo llegó a oídos de su nieto Charles, sino que ha sobrevivido durante más de dos siglos hasta nuestros genómicos días. La idea dice así: todos los seres vivos de este planeta, con toda su mareante diversidad, con todas sus asombrosas especializaciones, provienen de una o unas pocas formas muy simples y primordiales.

Un inciso. Quisiera proponer a los fabricantes del *Trivial Pursuit* una nueva pregunta para sus cartones: ¿Quién fue el primer lamarckista? Jean Baptiste de Lamarck, responderá el más listo de la reunión con una sonrisa autosuficiente. Y perderá la jugada, porque el primer lamarckista fue Darwin (no Charles, sino su abuelo Erasmus). Lo que conocemos como lamarckismo, o herencia de los caracteres adquiridos, es la idea de que las transformaciones que un individuo logre durante su vida —cuellos estirados para alcanzar las hojas más altas, extremidades aplanadas para remar mejor en el agua, dedos atrofiados por la falta de uso— se puede transmitir a la descendencia. Y, en efecto, fue Erasmus Darwin el primero en proponer ese mecanismo como una fuerza causal de la evolución biológica. Digo «como una fuerza causal de la evolución biológica» porque la herencia de los caracteres adquiridos era una especie de mito o superstición de andar por casa por lo menos desde la Ilustración, y posiblemente desde la noche de los tiempos. Pero fue el abuelo Erasmus el primero en tomársela en serio y ponerla por escrito en un libro de zoología. El naturalista francés Jean Baptiste de Lamarck propuso también el lamarckismo como un mecanismo evolutivo, desde luego, pero lo hizo diez años más tarde que Erasmus Darwin. No es que esto importe mucho, toda vez que el lamarckismo ha resultado ser una teoría errónea, pero es de justicia darle a la familia Darwin lo que le corresponde en la historia del pensamiento evolucionista. El mismo Charles, por cierto, fue evolucionando desde el darwinismo (que él mismo —esta vez sí— había inventado) hacia unas formas de lamarckismo muy embarazosas para sus posteriores biógrafos. Pero vayamos por partes.

Erasmus Darwin era un deísta: creía que Dios había creado el mundo y sus leyes naturales, pero que luego se había retirado para no volver a intervenir jamás. Su nieto Charles, a quien le tocó vivir en

una Inglaterra más reaccionaria que la de su abuelo, partió de cimientos mucho menos fértiles para el pensamiento científico. En diciembre de 1831, cuando se embarcó como naturalista en el *H. M. S. Beagle* rumbo a Patagonia, Tierra de Fuego, Chile y Perú. Charles era un jovencito Victoriano de veintidós años, recién licenciado en teología por la Universidad de Cambridge y convencido de la exactitud del relato de la creación expuesto en el *Génesis.* Darwin no sólo creía firmemente, como todos sus profesores de Cambridge, que cada especie animal y vegetal había sido creada separadamente por Dios, y que no cambiaba jamás, sino que contaba entre sus libros de cabecera con la *Teología natural* del reverendo británico William Paley. «Casi podría haberlo recitado de memoria», escribió Darwin mucho después en su autobiografía. Paley presentaba en ese libro una meticulosa demostración del llamado «argumento teológico del diseño»: los seres vivos muestran tal cantidad de signos evidentes de haber sido diseñados (para las funciones que deben cumplir) que la mera enumeración de esos signos es el más sólido argumento que puede aducirse en favor de la existencia de Dios. Un Dios que, obviamente, había creado cada especie en un acto separado y magnífico.

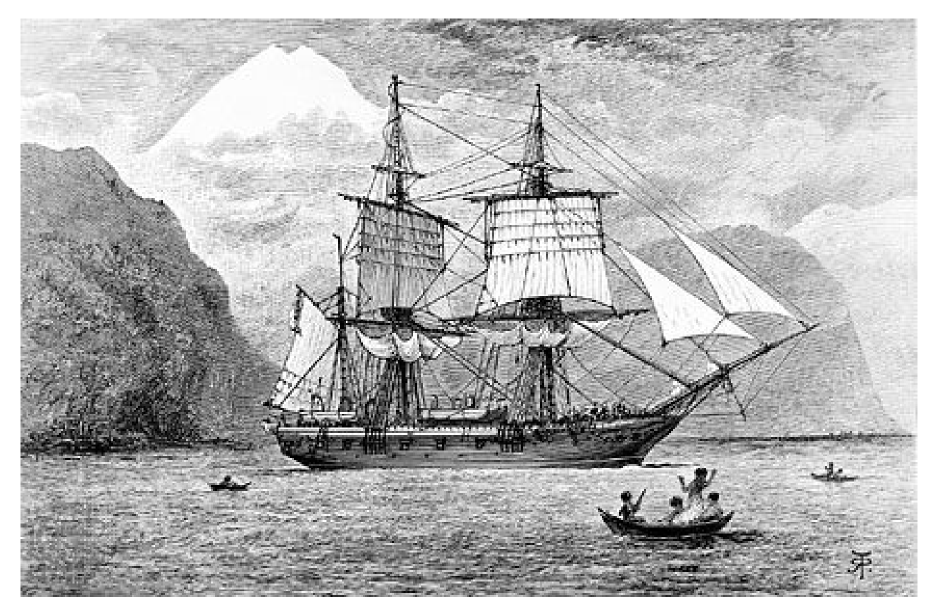


FIGURA 1.1: La biología moderna nació en este barco, el *H. M. S. Beagle.* Su tripulación era tan numerosa (68 personas) que Darwin tuvo que dormir en una hamaca colgada en la popa.

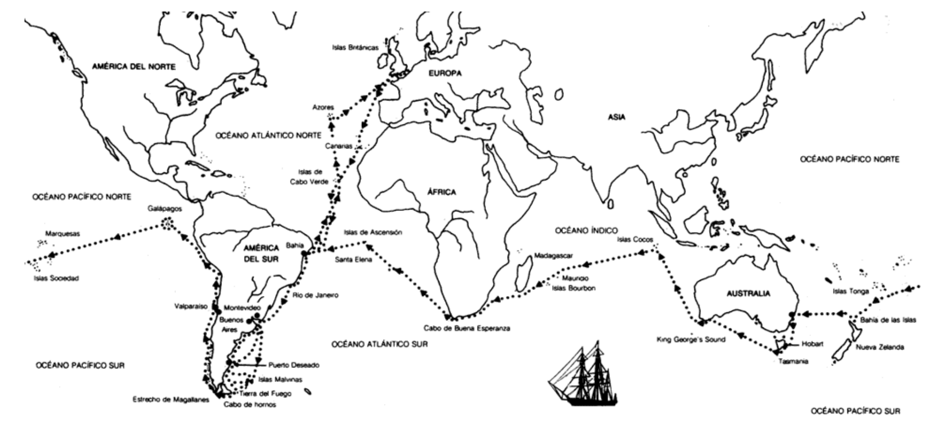


FIGURA 1.2: La travesía del *Beagle*.

Las observaciones cruciales que despejaron la mente de Darwin de todas esas brumas teológicas tuvieron lugar en 1835, durante el cuarto año de la travesía del *Beagle*. Aquel año, durante sus escalas en las Galápagos, Darwin observó que unos pájaros llamados pinzones eran similares en todo el archipiélago y en el continente, pero también reparó en que cada isla albergaba sólo una variedad característica de esa especie, pese a que todas ocupaban unos hábitats muy similares. ¿Para qué demonios se había molestado el Creador en diseñar una variedad ligeramente distinta de pinzón para cada isla, si con una hubiera dado más que de sobra para todo el archipiélago? ¿Es que el Creador iba a resultar ahora ser un chapucero o un gamberro? Unos meses después de haber recolectado especímenes de pinzones de tres de las islas, y todavía a bordo del *Beagle*. Darwin escribió en su diario de viaje:

> Cuando me fijo en esas islas [las Galápagos], todas a la vista unas de otras y habitadas por nada más que un parco repertorio de animales, moradas por esos pájaros que sólo difieren un poco en estructura y que ocupan el mismo lugar en la naturaleza, debo sospechar que son variedades [...] Si hay la más mínima base para estos comentarios, merecerá la pena examinar la zoología del archipiélago porque tales hechos socavan la estabilidad de las especies. (Citado en MAYR, 1991.)

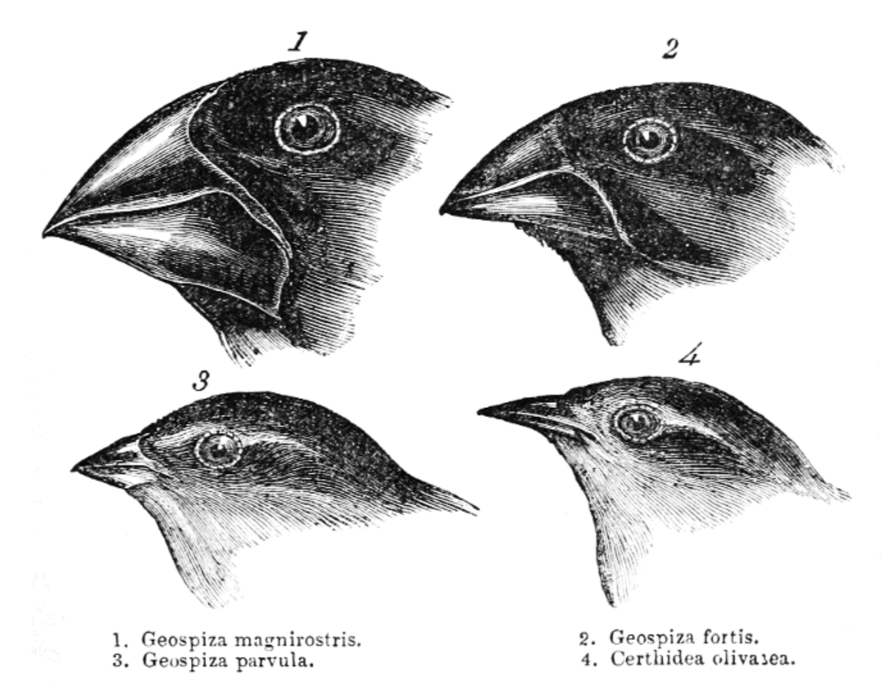


FIGURA 1.3: Las variedades de pinzones que habitaban cada una de las islas Galápagos encendieron la luz en la mente de Darwin: las especies no eran estables.

El *Beagle* no fondearía en el puerto inglés de Falmouth hasta tres meses después, poniendo fin a una travesía de cinco años. Pero es obvio que Darwin, a sus 27 años y todavía a bordo del buque, estaba ya en avanzados trámites de convertirse al evolucionismo soñado por su abuelo y otros pensadores, una idea herética que ningún científico se había tomado en serio nunca, pero que ahora asaltaba al joven Charles con la luz cegadora de una revelación. La anotación en el diario es de julio de 1836.

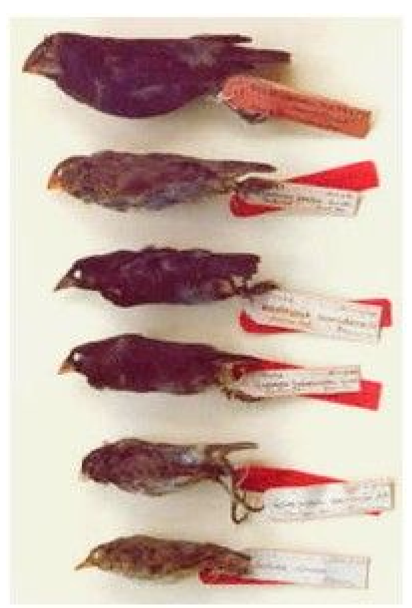


FIGURA 1.4: Darwin no etiquetó bien los pinzones que había recogido en las Galápagos: olvidó asignar cada uno a su isla, y luego intentó reclasificarlos de memoria. Frank Sulloway enderezó el entuerto en *The Beagle Collections of Darwin's Finches [Geospizinae], Bulletin of the British Museum [Natural History] Zoology Series, 43* [1982], (n.º 2, p. 49).

En octubre de ese mismo año, nada más tocar puerto en Falmouth y reintegrarse en la sociedad británica. Darwin puso en orden los numerosos especímenes que había recogido laboriosamente durante los cinco años de travesía y los envió a varios especialistas para que le ayudaran a clasificarlos. Uno de ellos, el ornitólogo John Gould, se dio cuenta de que las distintas variedades de pinzones recogidas por Darwin en tres de las islas Galápagos eran en realidad tres especies distintas, aunque similares. Si Darwin ya había reparado durante el viaje en que la supuesta especie única de pinzones que poblaba el archipiélago parecía no ser estable, el dictamen de Gould vino a revelarle que el aislamiento geográfico podía, de hecho, dividir a la especie original, llegada del continente, en al menos tres especies diferentes. Eso ya era el colmo. En la primavera de 1837 Darwin ya había extrapolado esas evidencias a la totalidad de la naturaleza, y estaba plenamente convencido de que los seres vivos no habían sido creados como los vemos ahora, sino que se habían diversificado desde un origen común a través de pequeños cambios acumulados gradualmente durante centenares o miles de millones de años.

Pero esa convicción no le bastaba. Darwin no podía dar por buena su teoría sin un mecanismo causal que explicara por qué las especies cambiaban hasta transformarse en otra cosa, hasta escindirse en dos o más especies distintas, hasta generar desde un origen simple y primitivo la sofocante variedad de seres vivos que pueblan en la

actualidad cada rincón de nuestro planeta. El filósofo de la evolución Michael Ruse lo ha expresado admirablemente:

> […] Como correspondía a un graduado de la Universidad de Cambridge de principios del diecinueve […], Darwin conocía muy bien cuál había sido la contribución del científico más famoso que había salido de las aulas de su alma máter. El mayor logro de Isaac Newton había sido el concepto de la atracción gravitatoria, la explicación causal definitiva de los movimientos planetarios observados por Copérnico, Kepler y otros durante la revolución científica. Si Darwin iba a convertirse en el Newton de la biología (y ésa era ciertamente su esperanza) tenía que ofrecer causas. Limitarse a defender el hecho de la evolución no era suficiente; había que decir qué era lo que hacía funcionar a la evolución. (RUSE, 2001.)

Ese mecanismo no se le ocurrió hasta septiembre de 1838, un año y medio después de haberse convencido por completo de que la evolución era un hecho. ¿Qué ocurrió en ese lapso de tiempo? Darwin estaba al tanto de los mecanismos evolucionistas propuestos por su abuelo Erasmus y por el francés Lamarck. Y sabía que esas ideas habían sido aplastadas sin piedad no sólo por el conservadurismo religioso, sino también por la ortodoxia científica de la época. En palabras del historiador Philip Appleman:

> [Darwin] conocía la amarga experiencia de Lamarck, que había tratado de desafiar la opinión convencional [de que las especies eran fijas] con una hipótesis evolucionista poco convincente, y había sido atacado y ridiculizado sistemáticamente por la práctica totalidad del *establishment* científico. Otros científicos, filósofos y escritores, incluido el propio abuelo de Darwin, Erasmus Darwin, habían especulado también sobre la transmutación [evolución] de las especies, pero, al igual que el de Lamarck, su trabajo tampoco fue tomado en serio; era demasiado hipotético o demasiado superficial para amenazar en cualquier forma grave a la creencia científica y religiosa en la estabilidad de las especies. (APPLEMAN, 2000.)

Uno de los principales argumentos de la ciencia convencional contra las ideas evolutivas de cualquier tipo era que éstas no podían explicar satisfactoriamente las evidentes, y espectaculares,

adaptaciones de los seres vivos a su ambiente. Si hubiera sido cierto que las especies eran cambiantes, ¿cómo podría entenderse que cada una hubiera desarrollado unas estructuras tan complejas y tan útiles, tan optimizadas, tan obviamente *diseñadas* por Dios para funcionar en el entorno en que vivían? Ese era, en esencia, el argumento del reverendo Paley, que tan bien conocía el joven Charles.

Darwin, sin embargo, estaba muy familiarizado con las chocantes transformaciones que los agricultores y los mejoradores habían logrado con las plantas de cultivo y los animales domésticos. Y también sabía cuál era el truco: ninguna fuerza o tendencia intrínseca llevaba a las espigas a hacerse mayores y más compactas a lo largo de las generaciones. Era el agricultor el que elegía las mejores espigas en cada generación y las usaba para sembrar la siguiente cosecha. En eso consistía la selección. ¿No habría alguna forma de que eso mismo ocurriera en la naturaleza, sin ninguna mano que guiara el proceso?

Como se ve, todos los ingredientes estaban ya flotando en la cabeza de Darwin: las especies cambiaban; lo hacían gradualmente, hasta escindirse en dos o más especies nuevas; el resultado era un incremento de adaptación al entorno; ninguna fuerza intrínseca las llevaba a ello; en cada generación, *algo* debía seleccionar a ciertos individuos y descartar a todos los demás. ¿Qué era ese *algo*? ¿Qué fuerza causal podía completar el esquema? ¿Qué podía hacer las veces del agricultor que selecciona las semillas en cada generación?

Todos los muelles estaban tensados y sólo necesitaban una mota de polvo para saltar por los aires al unísono. Y la clave vino de la lectura casual del *Ensayo sobre el principio de la población* del reverendo Thomas Malthus. Allí se señalaba que la población humana siempre tiende a crecer más deprisa que los recursos y los alimentos. Pero entonces… ¡Cristo! Ésa era la clave que Darwin necesitaba tan desesperadamente. La fuerza causal de la evolución —el agricultor que seleccionaba las semillas— no era otra que la escasez. Si los seres vivos tenían una gran capacidad de reproducirse, pero los recursos eran limitados, sólo las variantes más aptas de cada generación (las más adaptadas a las necesidades impuestas por su medio) sobrevivirían lo suficiente como para reproducirse y transmitir sus cualidades a la siguiente generación. La repetición de este proceso ciego una generación tras otra durante miles o millones de años provocaría inevitablemente que las especies fueran cambiando y haciéndose más aptas para vivir en su medio. La mera escasez de recursos hacía las veces del agricultor que selecciona las espigas. Más aún: las fascinantes adaptaciones de los seres vivos a su particular entorno, sus estructuras y especializaciones tan funcionales y óptimas,

tan *obviamente diseñadas por un Ser inteligente,* como creía haber demostrado el reverendo Paley, quedaban explicadas de un plumazo sin intervención divina alguna, ya que el cambio gradual de las especies, generación tras generación, no consistía en una deriva errática, sino que estaba guiado por las exigencias del entorno, y debía conducir por tanto, inevitablemente, a optimizar la adaptación a ese entorno. La principal crítica de la ortodoxia científica a Lamarck y los otros evolucionistas predarwinianos había quedado desactivada para los restos.

Ahora sí: ésta es la teoría de la evolución *por selección natural,* la gran aportación de Darwin al pensamiento occidental. Ésa es la idea que hizo exclamar a Thomas Huxley: «¡Qué increíblemente estúpido no haber pensado en ello!». Y ahora vemos el porqué de la reacción de Huxley. Jamás una idea tan simple, tan evidente, jamás una de esas ideas *que se le pueden ocurrir a cualquiera,* había explicado una realidad tan amplia, compleja y trascendente como… ¡la totalidad de la biología del planeta Tierra! Y acabando de paso con una superstición tan antigua como la propia humanidad: la de creer que Dios existe. Qué increíblemente estúpido que, durante los 100.000 años que la especie humana llevaba en el mundo, a nadie se le hubiera ocurrido esa trivialidad. Huxley, la verdad, tenía todas las razones para morirse de envidia.

Darwin dio con la teoría de la selección natural el 28 de septiembre de 1838. Habían pasado dos años y dos meses desde la anotación crucial en su diario sobre los pinzones, todavía a bordo del *Beagle.* Y un año y medio desde que, ya en tierra, se convenció por completo de que la evolución era un hecho. Aún habrían de pasar otros 21 años hasta que se decidiera a publicarla en el libro que fundó la biología moderna, *El origen de las especies.* Durante esos 21 años, Darwin fue posiblemente el único ser humano que se había asomado al oscuro abismo de la verdad. No falta quien piensa que su salud se resintió por ello.

Lo natural es, siempre había sido, pensar que los seres vivos han sido diseñados por un ser inteligente. Todo el mundo, también el mundo científico, había dado por descontada esa obviedad hasta que Darwin formuló una alternativa creíble y científicamente coherente: la selección natural. Desde Darwin sabemos que cualquier cosa —bueno, cualquier cosa de una cierta complejidad— que sea capaz de sacar copias de sí misma, de manera levemente inexacta, no tiene más remedio que irse haciendo lentamente más eficaz a lo largo de las generaciones, de modo ciego y estúpido. La razón es que, como las copias son inexactas, todos los individuos son ligeramente diferentes,

y siempre habrá uno que, por pura casualidad, se las apañe un poquito mejor —nada espectacular, cualquier ínfima mejora puede valer— y logre hacer más copias de sí mismo que todos los demás. En un mundo de recursos limitados, y con el paso del tiempo, los descendientes de aquel individuo levemente mejorado, que son muy parecidos a él, serán mayoritarios en la población, y por lo tanto la población habrá cambiado y ahora se las apañará un poquito mejor que unas generaciones antes. Y cuidado con la palabra *mejor:* el darwinismo sólo nos permite utilizarla en un sentido local, pasajero, oportunista, carente de finalidad. En el darwinismo no hay objetivos: las cosas pasan y se acabó.

La repetición ciega y mecánica de este proceso durante millones o decenas de millones de años, nos sigue diciendo Darwin, conduce a menudo a invenciones espectaculares, órganos tan complejos, exquisitos y eficaces como el ojo del águila, o como el cerebro humano, tan complejos, exquisitos y eficaces que parecen diseñados por un ser inteligente. Por un ser muy inteligente, si hemos de ser exactos. Darwin había descubierto por fin una alternativa creíble al creacionismo, a la *perogrullada* que todo el mundo había dado por sentada hasta entonces, y que formulaba —o mejor, que ni formulaba por obvio— que las cosas de diseño inteligente, como los relojes y los seres vivos, tenían forzosamente que haber sido diseñadas por una inteligencia, como un relojero o un dios. Fue la teoría de la selección natural la que refutó el famoso *argumento teológico del diseño,* tan pía y meticulosamente ensamblado por el reverendo Paley. Si quieren loar a la persona que mató a Dios no busquen en el entorno de Nietzsche. Pidan la lista de tripulantes del *H. M. S. Beagle.*

La selección natural, es decir, la muerte de Dios, es la razón de la celebridad de Darwin fuera del ámbito de la biología. Los biólogos contemporáneos, diría yo, tienden a fijarse más en la aportación *menor* de Darwin, en la demostración convincente del hecho de la evolución (así, sin mecanismos propuestos), es decir, las pruebas de que todos los seres vivos existentes provienen de un único ancestro común y primitivo. Ésta no es, como la selección natural, una idea esencial en la historia del pensamiento, pero sí es el fundamento de la biología moderna. A lo largo del último siglo y medio, los datos han demostrado la teoría del ancestro común con tal contundencia y nitidez que ni el más recalcitrante de los escépticos se atreve a cuestionarla hoy día, como no sea desde la ignorancia o el fundamentalismo, Por lo tanto, nunca se escribe ni se discute seriamente sobre este asunto. Es una cuestión científica y filosóficamente muerta, por la sencilla razón de que es verdad.

Todos los seres vivos nos basamos en el ADN —qué no hubiera dado Darwin por conocer esa bellísima doble hélice, que se habría de descubrir muy cerca de donde él vivió, pero 71 años después de su muerte—, todos los seres vivos usamos el mismo código genético a pesar de que hay miles de millones de códigos genéticos posibles que harían igualmente bien su trabajo, todos empleamos las mismas complicadísimas cascadas de reacciones químicas para mantener nuestras funciones vitales. Que el lector pueda alimentarse de azúcar se debe exactamente a la misma razón —la misma en todo su complejísimo detalle— que el hecho de que la más miserable de las bacterias pueda alimentarse del mismo azúcar. Cabe imaginar muchas otras formas de almacenar información genética, de traducirla en cosas útiles y de alimentarse de azúcar, pero el caso es que las decenas de miles de millones de especies que existimos en la Tierra lo hacemos exactamente de la misma forma. Ya sería casualidad si no tuviéramos todos, las bacterias, los cerezos y los seres humanos, un origen común.

Pero, como hemos visto, Darwin no se limitó a demostrar que la evolución —la diversificación de todos los seres vivos a partir de un único ancestro primitivo— es un hecho. Necesitó proponer un mecanismo, y tras 18 meses de desesperación lo encontró en la teoría de la selección natural.

Lo que solemos entender por darwinismo, por más que se quiera presentar como una teoría indivisible y coherente, consiste por lo tanto en dos cosas muy distintas. Una es la evolución, la teoría que postula que todos los seres vivos provienen de un único ancestro primitivo (o de unos pocos): una teoría que se puede considerar demostrada por encima de toda duda razonable. La otra es la selección natural, un mecanismo gradual propuesto para explicar no sólo la evolución, sino también el hecho de que los seres vivos posean estructuras que parecen diseños inteligentes (ojos, manos, hígados, cerebros) sin necesidad de que los haya proyectado un diseñador inteligente. Por supuesto, Darwin formuló la segunda idea (la selección natural) para dar fuerza a la primera (la evolución). Pero ello no impide que las dos cosas sean muy distintas conceptualmente.

De hecho, el grado de aceptación de estos dos conceptos siempre ha sido diferente. Así lo expresa Ruse:

> Pese a toda la tradición que afirma que el evolucionismo de Darwin se encontró con una oposición monstruosa, la verdad es que la evolución *per se* (la evolución como hecho) devino ortodoxia casi de la noche a la mañana. Como el traje del emperador, en cuanto Darwin hubo expuesto sus concepciones

> (presentando sus ideas con un envoltorio formal socialmente aceptable), la mayoría de la gente no tuvo ningún problema en cambiar de opinión y aceptar el origen común con modificación (…) Sin embargo, la gente se mostró mucho menos entusiasta en cuanto a la selección natural. Nadie negaba su existencia o fuerza (…), pero la impresión era que la selección natural necesitaba un complemento importante para conseguir resultados reales (…) Tal vez la selección fuera obviamente verdadera, pero no era obviamente efectiva. (RUSE, 2001.)

Es necesario precisar que Darwin, pese a todo lo anterior, nunca fue un ultradarwinista, como sí han sido la inmensa mayoría de sus seguidores, incluida toda la plana mayor del evolucionismo del siglo XX. Darwin, por ejemplo, era muy consciente de que su teoría, basada en ínfimos cambios graduales acumulados generación tras generación, requería enormes lapsos de tiempo para ser efectiva. Calculó, por ejemplo, que la diversificación de los mamíferos hubiera necesitado cerca de 300 millones de años si había de explicarse por selección natural (una estimación nada mala, como veremos), y recibió como una crítica devastadora el cálculo, realizado por lord Kelvin en los años sesenta del siglo XIX, de que la Tierra no tenía más de 25 millones de años de antigüedad. Kelvin, un gran físico, y presidente en la época de la todopoderosa Royal Society de Londres, logró retrasar varias décadas el progreso de la biología con su pomposa sentencia: «La Física argumenta contra la evolución». El cálculo de Kelvin fue una de las principales causas de que Darwin, en su edad madura, fuera convirtiéndose progresivamente hacia el lamarckismo, ya que la herencia de los caracteres adquiridos parecía una forma de lograr cambios estructurales eficaces mucho más rápida que su propio mecanismo de la selección natural, tan lento y ciego. Lo que son las cosas. El cálculo de Kelvin resultó finalmente un error garrafal: la Tierra no tiene 25 millones de años, sino cerca de 4.500 millones (la física no argumenta nada contra la evolución). Y el lamarckismo es erróneo. Pero el episodio da una buena idea de la honradez intelectual de Darwin, y de su admirable disposición a matizar o abandonar sus propias ideas cuando la evidencia científica parecía requerirlo. Ésta es una de las marcas de fábrica de los mejores científicos teóricos.

Por extraño que suene, la selección natural no es un elemento lógico esencial de la teoría de la evolución. Darwin necesitaba que los seres vivos cambiaran, que unas especies se transformaran en otras y se propagaran así por múltiples e interminables linajes, por lanzaderas históricas que las condujeran a adoptar improbables y refinadísimas

estructuras, a alcanzar trabajosos diseños trabajosamente diseñados por nadie. La evidencia de que las especies evolucionaban, de que se habían ramificado incesantemente a partir de ancestros comunes, que cayó sobre Darwin como una revelación durante la travesía del *Beagle,* no necesitaba que esas cosas ocurrieran mediante el gradual, competitivo y parsimonioso proceso malthusiano de la selección natural. Este mecanismo llegó a la mente de Darwin un año y medio después de que la evidencia de la evolución hubiera colonizado por completo su cerebro, y sólo tras un esfuerzo sistemático y consciente por dotar a esa evidencia de una explicación mecanística que pudiera resultar convincente en su época.

Le propongo al lector un pequeño ejercicio de ciencia ficción (en sentido estricto). ¿Qué hubiera ocurrido si Darwin hubiera sido un investigador del siglo XX, y hubiera por tanto tenido que escribir cinco o seis artículos científicos —o cinco o seis solicitudes de patente, como es ahora preceptivo— antes de leer a Malthus? ¿Serían ésos los artículos que se citarían en los libros de texto como la carta fundacional de la biología evolutiva? Y ¿qué sería de los otros cinco o seis artículos posteriores a la lectura de Malthus, que serían los primeros en mencionar la selección natural como motor de la evolución? ¿Se los tendría ahora por una *extravaganza* de madurez?

El lector puede dar la respuesta que quiera: nadie va a refutársela. Mi opinión es que la teoría de la evolución, despojada del mecanismo de la selección natural, no hubiera interesado, ni mucho menos convencido, a casi nadie. No al menos en tiempos de Darwin. Pero eso no convierte a la selección natural en una verdad revelada, como parecen creer los darwinistas contemporáneos. La selección natural darwiniana, por más que exista en la vida real —sí, los pinzones de las Galápagos evolucionaron así con bastante probabilidad— y por más que sea un mecanismo evolutivo formulado por el mismo genio que inauguró la biología moderna, no deja de ser, como última explicación de la evolución en su conjunto, una hipótesis inicialmente viable, pero postulada hace más de un siglo y medio, antes de que se descubrieran las más elementales leyes de la genética, de la estructura celular, de la biología molecular y de prácticamente cualquier rama actual de las ciencias de la vida. El último siglo y medio de biología ha sido uno de los periodos más vertiginosos y reveladores de la historia del conocimiento. ¿Será posible que el mecanismo propuesto por Darwin en la prehistoria de la biología, la selección natural, sobreviva intacto como una joya inaccesible, impermeable y perfecta tras semejante cascada de luz?

La investigación biológica actual ha revelado numerosas paradojas

que desafían al edificio darwiniano. La preservación de este crucial edificio —estamos hablando de la teoría que dinamitó la ancestral creencia humana en la necesidad de un diseñador inteligente— va a requerir una actitud intelectual francamente más abierta y creativa que la de los actuales darwinistas ortodoxos, encastillados en unas fortalezas dogmáticas que, a buen seguro, hubieran avergonzado al propio Darwin. El relojero será ciego, pero su ceguera —lástima— no parece bastarle para construir un reloj.

2

Una breve metáfora musical

El sargento Wilberforce aterriza en un planeta extraño y desértico. Silencio. Rocas devastadas bajo la corrosiva atmósfera de amonio. Wilberforce vaga durante días dictando observaciones a la grabadora de su escafandra hasta que le resulta patente que las observaciones son siempre las mismas, como la tierra estéril que pisa, como la línea apenas quebrada del horizonte, como el aire venenoso al otro lado de la visera. Wilberforce ya planea echarse a dormir cuando oye un sonido extraño. Afina el oído. No es un ruido: es una melodía. El sargento siente un relámpago de hielo subiéndole por el espinazo y bajándole hasta el estómago. Piensa o quiere pensar que ha sufrido una alucinación, gira la cabeza a un lado y a otro y luego se queda muy quieto, escuchando. La melodía vuelve a sonar. Wilberforce grita de pavor y emprende una carrera muy poco decorosa hacia su nave.

La pregunta es: ¿Por qué corre el sargento Wilberforce? Pues corre porque ni el humano más torpe tiene la menor dificultad para distinguir una cosa de un artefacto. Una piedra es una cosa. Un hacha de piedra es un artefacto. El ruido del viento es una cosa, aun cuando su paso por una garganta o un desfiladero pueda silbar en complicadas y enigmáticas escalas de armónicos. Pero lo que ha oído el sargento Wilberforce es un artefacto. Wilberforce no sabe nada del planeta en el que ha aterrizado unos días antes, y hasta ahora todo le había indicado que aquella esfera ocre suspendida en un lejano sistema solar no era más que un erial inerte, otro planeta muerto como los cientos de planetas muertos que había tenido la mala suerte de encontrarse en su todavía no muy larga pero ya muy aburrida vida. Puede que Wilberforce sea un tipo duro, pero ya hemos visto cómo ha salido corriendo dos segundos después de oír una melodía, y ha corrido porque una melodía es un artefacto y Wilberforce sabe que quien es capaz de diseñar una melodía lo es también de diseñar una pistola de rayos o cualquier otra perrería. Sabe más aún: sabe que quien se

permite perder el tiempo componiendo una melodía no puede tener la menor dificultad para perpetrar cualquier maldad, y quién sabe qué grado de crueldad, qué nivel de refinamiento, qué plano de perfección o de arbitrariedad puede alcanzar una maldad extraterrestre, ¿no creen? Ríanse de la tortura china. El sargento Wilberforce ha deducido, sin más que oír una sucesión de doce notas, que el horrible planeta muerto será horrible pero no está muerto, que lo habita una inteligencia creativa: una capaz de apreciar la belleza pero también de deformarla, de persuadir al azar para que juegue a su favor, de aprender algo sobre el mundo y luego utilizarlo contra él, contra el sargento Wilberforce y su maldita escafandra de alta tecnología. ¿Quién puede reprocharle su huida a este nudoso aventurero espacial?

Darwin puede. Lo que vino a decir Darwin en las páginas más brillantes de la historia de la biología, *El origen de las especies,* es que las melodías son cosas, no artefactos. Nadie hubiera podido creérselo —casi nadie se lo creyó de todos modos— si Darwin no hubiera ofrecido, al mismo tiempo que esa idea tan extravagante, un truco para hacerla factible: la selección natural. ¿En qué consiste el truco?

Tomemos como punto de partida una melodía dodecafónica. ¿Han oído alguna? Poca gente las soporta. Una melodía dodecafónica consiste en una sucesión de doce notas de distinto nombre. Como en la tradición occidental establecida por Bach sólo hay doce notas de distinto nombre (do, re bemol, re, mi bemol, mi, y así hasta si), una melodía dodecafónica debe necesariamente contener todas las notas de la escala cromática, es decir, de la escala que resulta de tocar doce teclas contiguas del piano, sin olvidar las negras, en riguroso orden ascendente. De hecho, si uno toca así esas doce teclas (por ejemplo, pasando un codo por encima del teclado), habrá compuesto una melodía dodecafónica. Pero también la habrá compuesto si toca esas mismas doce notas en cualquier otro orden: lo único que se pide es que la melodía comprenda las doce notas, y que por lo tanto no repita ninguna.

Cuando Arnold Schönberg —el doctor Fausto de carne y hueso, según el novelista Thomas Mann— formuló este método de composición, en los años veinte del siglo XX, su intención era garantizar al compositor que el resultado iba a ser francamente atonal, es decir, carente del tranquilizador punto de anclaje armónico que había caracterizado a toda la música anterior y que seguiría caracterizando a casi toda la música posterior, incluido el rock, el pop y la vasta mayoría del jazz. Este punto de anclaje (la *tonalidad*) implica, naturalmente, que algunas notas (la tónica o *ancla,* y sus socios legítimos) se utilizan mucho más que otras. El método

dodecafónico de Schönberg, que prohíbe en sus estatutos utilizar unas notas más que otras, garantiza por lo tanto una infracción permanente de la tonalidad, del anclaje en el que reposa toda música *normal.* Y el dodecafonismo emerge así como una rara isla de desasosiego en el apacible discurrir de la música occidental. Las melodías dodecafónicas siguen provocando en el oyente una perplejidad ansiosa, un inevitable picor de soledad y desesperanza, un vértigo metafísico que ningún otro estilo musical ha podido ni siquiera acariciar.

El sargento Wilberforce se lo habría pensado mucho mejor antes de salir corriendo si lo que hubiera oído en el planeta muerto hubiera sido una melodía dodecafónica (al contrario que algunos oyentes en las salas de conciertos contemporáneas, que huyen despavoridos a bajada de batuta). La razón es que las melodías dodecafónicas no necesitan mucho diseño y por lo tanto pueden, concebiblemente, generarse de una forma más o menos espontánea. Si la especie humana llega a desaparecer de la Tierra, un mono podrá todavía componer una melodía dodecafónica sin mayores problemas. Por ejemplo, robando las doce piezas metálicas de un xilofón de juguete y tirándolas al aire para que luego caigan al suelo en cualquier orden. De hecho, cada vez que el mono repita esa operación obtendrá una melodía dodecafónica distinta, y la mayoría de los músicos profesionales manifestarán embarazosas dificultades para salir airosos de un test que les pregunte: ¿Es esto una melodía de Schönberg? ¿De Anton Webern? ¿De Alban Berg?

Casi nadie, sin embargo, tendría la menor dificultad para responder a otro test que, sobre los mismos sonidos generados por el mono, les planteara: ¿Es esto una melodía del maestro Rodrigo, o de Duke Ellington, o de Igor Stravinsky? Hasta el más duro de oído pondría ahora su crucecita en la casilla del no. El mono y su xilofón pueden hacerse pasar por Schönberg, pero no por el maestro Rodrigo, porque la melodía dodecafónica de Schönberg es casi una cosa, y la del maestro Rodrigo es evidentemente un artefacto.

Lo que nos dice Darwin es que la melodía del maestro Rodrigo no es en realidad ningún artefacto. Nos dice que es también una cosa, como la melodía de Schönberg. Nos dice que el tema del *Concierto de Aranjuez* es meramente una cosa, que nadie lo ha compuesto, que nadie lo ha diseñado. La melodía del maestro Rodrigo no necesita de ningún maestro Rodrigo: simplemente, se ha desarrollado a partir de la melodía dodecafónica de Schönberg —a partir de casi una cosa— en pequeños pasos graduales. Y ahora viene lo más importante: cada paso gradual surgió por mero azar pero acabó imponiéndose porque suponía una pequeña ventaja sobre la melodía precedente, y por lo

tanto le fue comiendo el terreno hasta sustituirla por completo y convertirse en la melodía dominante. Sólo dominante, por supuesto, hasta que la tercera variación aleatoria con cierta ventaja viniera a sustituir a la segunda. Ésta es la idea revolucionaria de Darwin. No que la vida evoluciona —algo que otros científicos plantearon antes que él, y que en cualquier caso ya no duda ninguna persona sensata y medianamente informada—, sino que evoluciona de esa forma gradual y desnortada, a base de ínfimas mejoras sucesivas.

Insistamos en esta idea fundamental. Lo realmente sorprendente, lo casi inaceptable de la teoría de Darwin, no es que nos diga que la melodía dodecafónica puede evolucionar hasta crear el tema del *Concierto de Aranjuez.* Lo casi inaceptable es que nos dice que esa evolución ocurre del siguiente modo ciego y estúpido: las piezas del xilofón caen al suelo y generan una melodía dodecafónica; esa melodía varía un poco, al azar, cada vez que alguien la toca; la inmensa mayoría de esas variaciones son inútiles, pero cuando, por mero azar, surge una versión de la melodía que es algo más tonal que la original (por ejemplo, porque resulta tener tres notas seguidas que forman un acorde aceptable), la variación se impone sobre el original; y vuelta a empezar. Tras miles o millones de ciclos de ínfimas mejoras graduales de este tipo, obtenemos el tema del *Concierto de Aranjuez* (o cualquier otra melodía magnífica). Así es como se compone el *Concierto de Aranjuez* sin necesidad de ningún maestro Rodrigo.

He escrito «o cualquier otra melodía magnífica». La melodía dodecafónica original puede, en efecto, evolucionar en muchos sentidos diferentes simultáneamente. El resultado serán muchas melodías magníficas, cada una de ellas evolucionada por mejoras aleatorias y graduales, pero cada una con un resultado final diferente aunque igualmente impresionante: el *Concierto de Aranjuez,* el concierto para violín y orquesta de Bartok, *Round midnight* de Thelonius Monk, *Giant steps* de John Coltrane. Todas estas melodías son tan impresionantes como en la Tierra lo somos los humanos, los leopardos, las moscas y las bacterias del tifus. Ésta es otra percepción fundamental del evolucionismo: que todos los seres vivos actuales, por muy *diseñados* que parezcan para cada problema especializado, proceden por ramificaciones sucesivas de un solo organismo simple, primordial, primitivo, de poco más que una mera *cosa.*

Para no abusar de la música, propongo a los lectores otro ejercicio darwiniano que ilustra el mismo punto. Consiste en partir de un mal pareado, como por ejemplo:

El cielo fugaz espera un infierno

De un tenue hoy que no es eterno

y convertirlo en uno bueno, como por ejemplo:

El hoy fugaz es tenue y es eterno.
Otro cielo no esperes, ni otro infierno

No empiecen todavía. Tengan en cuenta primero que la transformación debe hacerse mediante pequeños pasos graduales y ciegos (no vale mover siete palabras de una vez y cada una a la posición que mejor le viene al jugador). Y lo más crucial: cada pequeño paso debe implicar una mejora respecto al verso anterior. Como «mejora» no vale el mero hecho de que se parezca un poco más al pareado final. Cada pequeño paso debe ser por sí mismo un pareado un poco mejor que el anterior. ¿Ven ahora el problema? Pues adelante.

3

La revolución de Lynn Margulis

La Tierra tiene 4.500 millones de años, y durante la mayor parte de su historia ha estado habitada sólo por bacterias. No es que eso sea poco. Como ya hemos visto, las bacterias son seres vivos autónomos y extremadamente hábiles. Su información genética está contenida en ADN, como la nuestra, con todo el refinadísimo sistema de replicación, transcripción y traducción que ello comporta. Son las verdaderas reinas de la Tierra: es casi imposible encontrar un rincón en este planeta que no hayan colonizado, sin exceptuar los tanques de ácido de las empresas químicas, los reactores de las centrales nucleares, las oscuras profundidades de la tierra ni los chorros de agua hirviendo que emergen al fondo oceánico por las fisuras del infierno. Son capaces de vivir sin más que agua y algún mineral, aunque muchas de ellas pueden obtener cantidades ilimitadas de energía de la luz del sol, mediante un refinadísimo proceso de fotosíntesis que no tiene nada que envidiar al de nuestras plantas de cultivo (y cuando digo nada quiero decir nada, como veremos). Una guerra nuclear devastadora no lograría eliminarlas a todas. Si tal conflicto armado llegara a darse, las bacterias serían probablemente las únicas herederas del planeta. En un sentido nada trivial, son los seres vivos más evolucionados de la Tierra. No sólo porque llevan aquí más tiempo que nadie, sino también porque su enorme eficacia energética, su gran adecuación a todo tipo de medios, su inmensa variabilidad y la espectacular compresión de su información —ningún artilugio existente puede empaquetar tantos bits en un espacio tan exiguo— las convierten en las máquinas biológicas más engrasadas, más versátiles y mejor adaptadas que conocemos. La Tierra estuvo en muy buenas manos durante su primer par de miles de millones de años de existencia, ésa es la verdad.

Pero también es cierto que las bacterias no lograron durante todos esos eones ningún incremento significativo de complejidad. Vida

unicelular eran, y en vida unicelular se quedaron. Incluso las bacterias actuales tienen el mismo grado de complejidad que las primeras pobladoras de la Tierra, pese a que llevan casi 4.000 millones de años reproduciéndose, mutando y sometiéndose al examen permanente de la selección natural. ¡4.000 millones de años! Por dar una comparación: desde la formación del primer animal primitivo del planeta hasta la aparición del cerebro humano —el objeto más complejo del que tenemos noticia— sólo han pasado unos 700 millones de años. Vale que una bacteria es ya francamente compleja, como hemos visto. Pero *se puede* ser más complejo. Las bacterias son capaces de procesar información, y de alterar su entorno en consecuencia. Pero usted es capaz de procesar una información abrumadoramente más compleja, gracias a que su cerebro es abrumadoramente más complejo que una bacteria. Sin irnos tan lejos, baste mencionar que el más miserable de los protistas —amebas, paramecios y otros organismos unicelulares de ese tipo— es ya mucho más complejo que cualquier bacteria, pese a estar constituido, como ellas, por una sola célula.

Déjenme hacer una aclaración. Las arrogantes críticas que acabo de hacerles a las bacterias son justas en un sentido, pero horriblemente injustas en otro. Como toda la vida de la Tierra tiene un origen común, es obvio que los animales provenimos en último término de las bacterias, y en ese sentido las bacterias sí tienen una alta capacidad de evolucionar hacia formas más complejas. Esto es evidente. Lo que quería decir es que, antes de emprender ese camino hacia la complejidad, las bacterias tuvieron primero que dejar de serlo y convertirse en otra cosa: tuvieron que abandonar su esencia bacteriana y transformarse en un nuevo tipo de célula, la célula eucariota, que ahora mismo veremos. La vasta mayoría de las bacterias —redondeando, el 100%— nunca dieron ese paso. A eso me refería.

Los protistas, los hongos y todos los organismos realmente grandes, animales y plantas, estamos hechos de células, pero no de células bacterianas (denominadas procariotas porque no tienen núcleo), sino de otro tipo de célula llamada eucariota (porque sí tiene núcleo). El núcleo es una esfera envuelta en membranas que contiene el genoma de la célula eucariota. Las bacterias también tienen genoma, desde luego, pero consiste generalmente en una sola molécula de ADN —con unos 4.000 genes— que anda suelta por la célula, sin membranas que la separen del resto. La célula eucariota se distingue en muchas más cosas de sus antecesores bacterianos. Dispone de un andamiaje interno de microtúbulos que le permite adoptar formas inconcebibles en un

procariota. Las largas prolongaciones por las que las neuronas transmiten el impulso nervioso (axones y dendritas), por ejemplo, sólo son posibles gracias al andamiaje de microtúbulos. Las células eucariotas también poseen unos orgánulos *(pequeños órganos)* llamados mitocondrias, que son verdaderas factorías energéticas: queman combustibles químicos y los transforman en energía para el uso del resto de la célula. En el caso de las plantas, las células también tienen otro tipo de orgánulos, los cloroplastos, que son los que llevan a cabo la fotosíntesis: la transformación de la energía solar en otras formas de energía útiles para los procesos químicos de la célula.

El cuerpo de cualquier animal está hecho enteramente de células eucariotas, y todas provienen de la multiplicación de una sola célula eucariota original, el cigoto formado por la fusión de un óvulo y un espermatozoide. Su cerebro, lector, está hecho de unos cien mil millones de neuronas, y cada neurona no es más que una célula eucariota, no muy distinta de una ameba si se la mira bien. Y cada uno de sus glóbulos blancos también es una célula eucariota. Y lo mismo cabe decir de cada una de las células de su hígado y de su piel, y de todo lo demás. Usted, discúlpeme, no es más que un agregado de billones de células eucariotas, como cualquier otro animal o planta habido y por haber en este planeta, desde los humanos hasta los gusanos que han de comérselos.

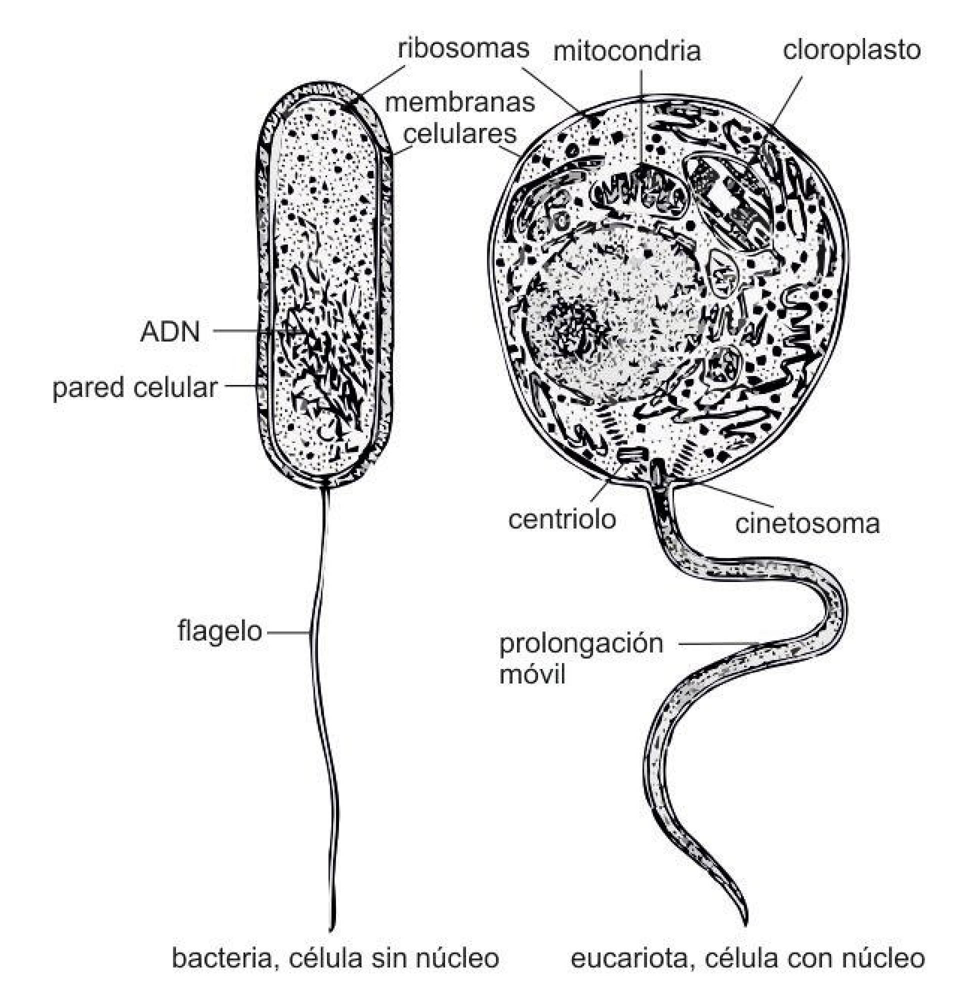


FIGURA 3.1: Las células procariotas (bacterias, arqueas) son muy distintas de las eucariotas, que son los ladrillos de los que están hechos todos los animales y plantas.

La Tierra, ya queda dicho, tiene 4.500 millones de años. Las primeras bacterias aparecieron unos 600 millones de años después, tan pronto como el planeta se enfrió y dejó de recibir una lluvia constante de devastadores meteoritos. Y fueron las únicas pobladoras de la Tierra durante los siguientes 2.000 millones de años (esta cifra no se conoce aún con exactitud, pero supone más o menos la mitad de la historia de la vida). Sólo entonces aparecieron las primeras células eucariotas. No hay evidencias claras de una transición gradual entre las bacterias y las primeras células eucariotas. Incluso hoy, todos los seres vivos existentes se dividen limpiamente en procariotas (bacterias) y eucariotas (organismos, unicelulares o multicelulares, hechos de células eucariotas). No hay más soluciones, parece ser. O

uno es una bacteria, o uno es un eucariota, o se calla uno.

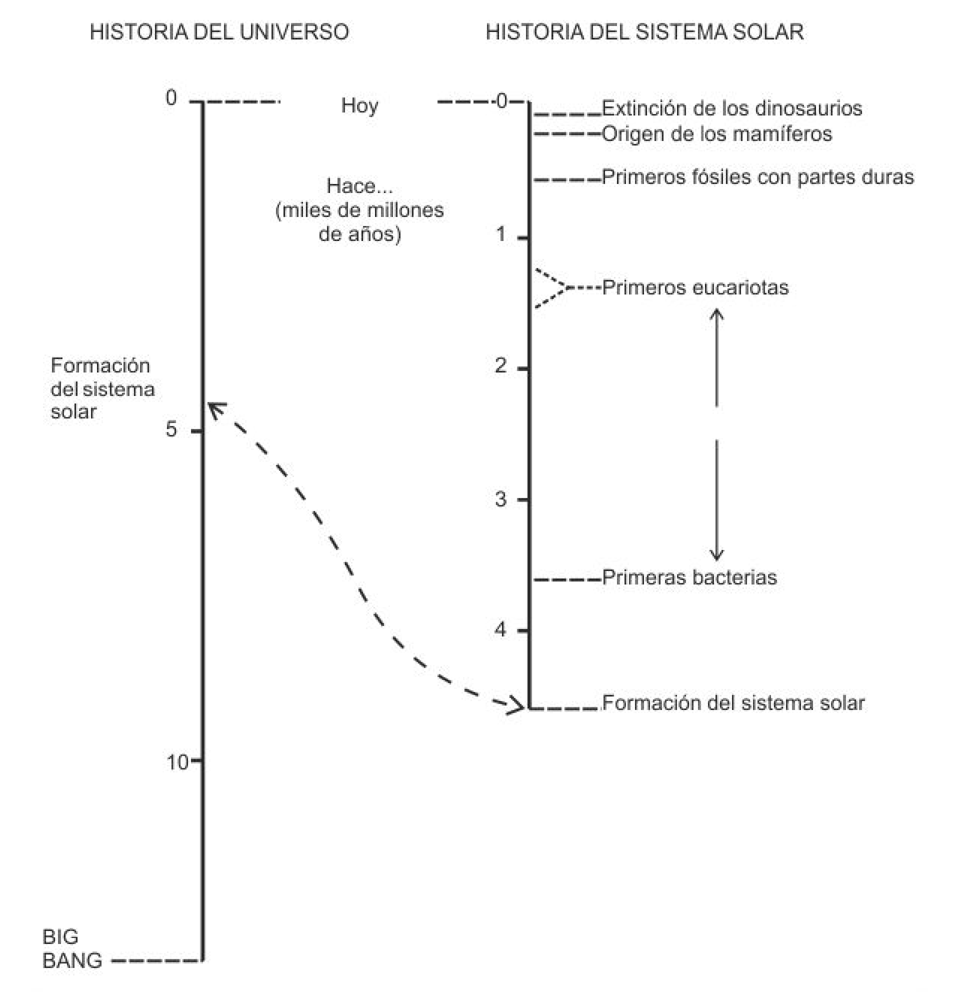


FIGURA 3.2: Una breve historia de la Tierra.

Este tipo de transiciones evolutivas aparentemente bruscas, sin evidencias de transición gradual, sin intermediarios que tengan representantes actuales, y que ocurren una sola vez en la historia, son justamente la bestia negra del darwinismo, como muy bien sabía Darwin (y eso que no pudo conocer las complejidades de la célula eucariota ni el enigma de su brusca aparición). Lo que piden estos sucesos a nuestra buena fe no es ya que creamos que una melodía dodecafónica se puede transformar sin ayuda externa en el *Concierto de Aranjuez,* es que encima nos tenemos que creer que se transforma en él prácticamente de repente. Y no porque la melodía dodecafónica tenga una irresistible tendencia a convertirse de golpe en el *Concierto de Aranjuez*, ya que si así fuera esas transformaciones ocurrirían muy a

menudo, miles o millones de veces a lo largo de los eones, y sin embargo la transformación sólo ha ocurrido una vez en la historia.

Afortunadamente, gracias a la genial bióloga estadounidense Lynn Margulis, hoy tenemos la solución a este desconcertante enigma: una explicación científica mucho más sensata, lúcida y creativa que la que se ha empeñado en sostener la ortodoxia neodarwinista durante los últimos 35 años, pese a tener la solución, publicada por Margulis en 1967, literalmente delante de sus narices. La ortodoxia se ha resistido con uñas y dientes —en gran medida sigue resistiéndose— a aceptar la teoría de Margulis por el sencillo hecho de que no encaja con sus prejuicios darwinistas. Pero si usted logra liberarse de ese lastre irracional y anticientífico, verá inmediatamente que la idea de Margulis no sólo es la correcta, sino que está dotada de un luminoso poder explicativo. El modelo de Margulis sobre el origen de la célula eucariota no es gradual, pero no le hace ninguna falta para ser factible. Implica un suceso brusco y altamente creativo, pero también enteramente materialista, ciego y mecánico. ¿Alguna idea? Pista: ¿Cómo puede surgir la gran multinacional farmacéutica Glaxo SmithKline-Beecham a partir de tres laboratorios de tamaño moderado como Glaxo, SmithKline y Beecham? ¡Acertó!

La célula eucariota se formó, simplemente, por la suma constructiva de tres o más bacterias distintas (cuatro o más en el caso de las células de plantas). No fue un proceso gradual regido por la competencia, sino un suceso súbito basado en la suma de fuerzas. La selección natural intervino para ajustarlo, descartando a los herederos de la fusión bacteriana que no lograban armonizar adecuadamente sus partes constituyentes. Pero la selección natural no fue la fuerza evolutiva que generó esa gran innovación. Esa fuerza fue la simbiosis: la suma cooperativa de módulos genéticos (de hecho, genomas completos) previamente funcionales. La idea de Margulis supone probablemente el mayor avance conceptual en la teoría de la evolución desde Darwin, y merece la pena examinarla en cierto detalle.



FIGURA 3.3: Lynn Margulis.

Borges dijo que todo genio crea a sus antecesores, y Margulis no es una excepción. Ella misma ha reconocido: «Prácticamente todo aquello en lo que trabajo ahora fue anticipado por estudiosos y naturalistas desconocidos». Las teorías de Margulis fueron prefiguradas ya en el siglo XIX por el naturalista ruso Konstantin Merezhkovsky (1855-1921). Este científico olvidado, que nació antes de la publicación de *El origen de las especies* y tenía ya 27 años cuando murió Darwin, fue el primer autor que propuso la extravagante idea de la simbiogénesis, según la cual algunos órganos, e incluso algunos organismos, no surgían en la evolución por el gradual mecanismo de la selección natural, sino mediante asociaciones simbióticas entre una especie animal o vegetal y algún tipo de microbio. Merezhkovsky llegó a postular que el núcleo de la célula eucariota provenía de un antiguo microorganismo, lo que posiblemente es erróneo, al menos dicho así, sin más matices. En cualquier caso, sus ideas no tuvieron la menor repercusión.

Dos de los científicos europeos que redescubrieron en 1900 los cruciales e ignorados hallazgos que Mendel había logrado 35 años antes, Hugo de Vries y Carl Correns, fueron también los primeros en encontrar una notable excepción a las leyes de la herencia formuladas por el desconcertante monje austríaco. Los «factores» hereditarios descritos por Mendel, a los que ahora llamamos genes, están en el núcleo de las células y son aportados a partes iguales por el macho y por la hembra cuando éstos se cruzan. Pero De Vries y Correns

descubrieron que algunas características, como el mismísimo verdor de las plantas, eran transmitidas a la progenie sólo por la hembra.

La fecundación de un óvulo por un espermatozoide es una lucha muy desigual. Ambos aportan sus núcleos en igualdad de condiciones, pero el resto del material lo pone el óvulo casi en exclusiva. Por eso, si hubiera alguna característica hereditaria que dependiera de factores externos al núcleo, sería la madre la única que podría transmitirlos a las siguientes generaciones. El verdor de las plantas, vieron De Vries y Correns, se comporta exactamente así. Los hijos de una hembra verde y un macho blanco son verdes. Los de una hembra blanca y un macho verde son blancos. Los genes del verdor fueron los primeros en conocerse fuera del núcleo (medio siglo antes de que se supiera qué era exactamente un gen).

En las primeras dos décadas del siglo XX, la genética moderna —la ciencia de los genes del núcleo— recibió su impulso definitivo en las habitaciones plagadas de moscas del laboratorio de Thomas Hunt Morgan, en la Universidad de Columbia de Nueva York (nos ocuparemos de eso en el capítulo 7). En las mismas fechas y en la misma universidad, a muy poca distancia del laboratorio de Morgan, el joven anatomista Ivan Wallin se adelantó más de setenta años a su tiempo y, basándose en los genes extranucleares descubiertos por Correns y De Vries y en sus propias observaciones, retomó la antorcha mojada de Merezhkovsky y propuso que dos orgánulos constitutivos de las células eucariotas, los cloroplastos y las mitocondrias, provenían de antiguas bacterias que habían establecido una relación simbiótica con otra célula huésped, todo el mundo le tomó por un loco. En un momento en que Morgan estaba quemándose las pestañas para demostrar cómo se organizaban los genes en el núcleo, y cómo su funcionamiento podía compatibilizarse con el gradualismo darwiniano, las heréticas propuestas evolutivas de Wallin fueron aplastadas sin piedad, y el propio Wallin fue ridiculizado con saña. En 1923, cuando tenía cuarenta años, y mientras Morgan se convertía en el primer científico estadounidense de prestigio mundial, Wallin se vio forzado a abandonar la Columbia y trasladarse a la Universidad de Colorado en Denver.

Wallin publicó sus tesis en el libro *Simbiosis y el origen de las especies,* en 1927. Ese mismo año, Theodosius Dobzhansky se unió al grupo de Morgan en Nueva York y empezó a ensamblar las evidencias genéticas de éste con los modelos matemáticos de la dinámica de poblaciones hasta publicar, en 1937, *Genética y el origen de las especies,* la obra magna de la síntesis neodarwiniana: la consagración de la interpretación gradualista de la genética, que todavía no nos ha

abandonado. Los dos libros están separados por diez años y, sobre todo, por una palabra en su título: justo la palabra que no puso Darwin en el suyo. Wallin, que no volvió a publicar ni una coma sobre el origen bacteriano de los orgánulos celulares, ni a mencionar el asunto en sus clases de Denver, murió en 1969 olvidado por todo el mundo.

Pero diez años antes, en 1959, primer centenario de *El origen de las especies,* la joven Lynn Margulis acababa de terminar un curso de genética impartido por James Crow en la Universidad de Wisconsin, en Madison, y se dio cuenta de que algo iba mal con las redondas tesis de la teoría sintética consagrada por Dobzhansky 22 años antes. Óiganlo de su propia voz:

> Después de aquel primer curso sentí que el campo de la genética de poblaciones, con su insistencia en conceptos neodarwinianos abiertamente abstractos como «carga mutacional», «aptitud» y «coeficientes de selección», enseñaba más una religión que una descripción de las reglas por las que los organismos reales transmitían sus genes y evolucionaban. (MARGULIS, 1998.)

Otra de las cosas que más molestaban a la estudiante Margulis era el aparente *nucleocentrismo* de la genética que dominaba los estamentos académicos. «Desde el punto de vista de la herencia, el citoplasma [todo lo que no es el núcleo] de una célula puede ser ignorado sin riesgo», había escrito Morgan años antes. Esa actitud le parecía a Margulis de un simplismo excesivo y arrogante, en este caso por razones de una índole no estrictamente epistemológica: «por constitución», ha escrito la científica, «yo no estaba más inclinada a centrarme de forma monomaníaca en el núcleo celular que a ser una esposa satélite en una familia nuclear». El rechazo combinado a las abstracciones matemáticas del neodarwinismo y al *nucleocentrismo* de la genética de Morgan condujo a Margulis a interesarse por los orgánulos celulares como las mitocondrias y los cloroplastos. Al fin y al cabo, estaban fuera del núcleo pero parecían transmitir algunas cualidades hereditarias, y pese a ello nadie les había dedicado todavía ni una sola ecuación.

Una vez tomada esa decisión, en los primeros años sesenta, Margulis se desplazó a Berkeley para empezar su tesis doctoral en la Universidad de California. Su primer descubrimiento fue netamente bibliográfico. Empezó a bucear en la literatura, no escasa, sobre los factores hereditarios extranucleares. Los recientes trabajos de Ruth

Sager, Francis Ryan y Gino Pontecorvo habían documentado con claridad que las mitocondrias y los cloroplastos transmitían características hereditarias. Pero lo más importante fue que, tirando del hilo de las referencias bibliográficas citadas por esos autores, Margulis pudo remontarse cuarenta años atrás hasta las publicaciones del olvidado Konstantin Merezhkovsky y del vapuleado Ivan Wallin, los científicos que habían conjeturado que algunos orgánulos celulares provenían de bacterias simbióticas. ¿Por qué ningún profesor le había hablado de esos autores? Donde los demás científicos habían encontrado material para la burla y el escarnio, Margulis sólo vio sensatez y sagacidad, y decidió que Merezhkovsky y Wallin tenían razón en lo esencial: los misteriosos factores hereditarios extranucleares, asociados a los orgánulos, no eran otra cosa que los genes de las antiguas bacterias que habían dado lugar a esos orgánulos, evidentemente. Margulis añadió una tercera estructura celular, los cilios (prolongaciones móviles), a la pequeña lista de componentes que podían haberse originado como bacterias simbióticas, e hizo lo que Merezhkovsky y Wallin no podían haber hecho en su tiempo: predecir que las mitocondrias, los cloroplastos y los cilios deberían conservar algo de ADN bacteriano, un residuo de su pasado de vida libre.

A mediados de los sesenta, Margulis formuló lo que se conoce como «Teoría de la endosimbiosis serial», que propone que la primera célula eucariota de la Tierra, aquella célula de la que provenimos todos los animales y las plantas, se formó mediante la fusión de tres bacterias preexistentes completas, con los genes de cada una incluidos, por supuesto. Una de esas bacterias aportó los andamios de microtúbulos, otra ciertas capacidades metabólicas peculiares y la tercera (que se sumó más tarde a las otras dos) se convirtió en las actuales mitocondrias. Esa célula eucariota primigenia empezó a proliferar, y una de sus descendientes sufrió aún otra experiencia traumática: se tragó a una bacteria fotosintética de la que provienen los actuales cloroplastos.

Quien no se dedique a la ciencia profesional pensará que, cuando un investigador tiene una idea de ese tipo, le resultará más o menos fácil encontrar un editor que quiera publicársela en una revista técnica. Aunque sólo sea para que otros investigadores la lean y la refuten en el siguiente número. Pero no es así, ni siquiera cuando se trata de ideas más convencionales. En el caso de Margulis, encima, la idea era una absoluta herejía, y sus escasos precedentes, sobre ser arcaicos, no habían causado más que la ruina científica de sus proponentes, cuando no la burla general. El manuscrito fue rechazado

quince veces por varias revistas, y sólo pudo publicarse en 1967, tras casi dos años de peregrinación, en el *Journal of Theoretical Biology*, una especie de último recurso para científicos desesperados (lo cual no le resta un ápice de interés a la revista, como demuestra este caso). Por si alguien quiere buscar ese artículo, recuerden que se titula «Origin of Mitosing Cells» y que su firmante es Lynn Sagan. Cosas de los americanos, ya saben. El primer marido de Margulis fue el inteligente astrofísico y magnífico divulgador científico Carl Sagan, uno de los impulsores del programa SETI (de búsqueda de inteligencia extraterrestre), autor y presentador de la gran serie de divulgación científica *Cosmos* y escritor de la interesante novela *Contact.* Margulis, por cierto, es el apellido del segundo marido de la científica, que en realidad se llama Lynn Alexander. En fin. Dos años después de la publicación de su artículo, Margulis se animó a extender su teoría en un libro y mandó el manuscrito a la prestigiosa editorial de Nueva York Academic Press. La editorial, como es costumbre, dio a leer el texto a terceros expertos, y su dictamen fue tan radicalmente negativo que, tras retener el manuscrito durante cinco meses, se lo devolvió a la autora sin pedir ni perdón. Así empezó su andadura una de las teorías evolutivas más interesantes desde *El origen de las especies.*

La comprobación de que las mitocondrias y los cloroplastos contenían ADN hizo levantar las cejas a algunos científicos previamente escépticos, pero a principios de los setenta, el especialista en el mundo protista Max Taylor, de la Universidad de British Columbia, en Vancouver, formuló una teoría contraria a la de Margulis. La llamó «de filiación directa», y se trataba de un modelo puramente darwinista, es decir, una mera formalización de lo que todo el mundo había dado por supuesto hasta entonces: que la primera célula eucariota había evolucionado gradualmente, por una lenta acumulación de pequeñas mutaciones, a partir de una sola bacteria. Las mitocondrias, los cloroplastos y los cilios eran simples productos de la selección natural, elaborados paso a paso con la tradicional receta darwiniana. Y la presencia de ADN en los dos primeros no indicaba nada raro: simplemente, ese ADN se había escindido del núcleo y había migrado hasta las mitocondrias y los cloroplastos por razones de eficacia operativa.

La teoría de Taylor, un buen ejemplo de la resistencia heroica del neodarwinismo a aceptar cualquier cosa que no encaje en sus preconcepciones, quedó refutada al poco de formularse, cuando se comprobó que el ADN de las mitocondrias y los cloroplastos es mucho más parecido al material genético de las bacterias que al del genoma nuclear eucariota. El mundo académico se vio forzado a aceptar la

parte de la teoría de Margulis que hoy se enseña en todos los libros de texto: que las mitocondrias y los cloroplastos provienen, por simbiosis, de antiguas bacterias de vida libre. La idea convencional, sin embargo, persiste aún gracias a que la teoría de Margulis se suele presentar en una versión edulcorada que no capta el fondo de la cuestión, y que dice más o menos así: puede que un par de orgánulos tengan un origen simbiótico después de todo, vale, pero el cuerpo principal de la célula, por así llamarlo, es el producto del gradualismo más ortodoxo. En algún momento de su ascensión darwiniana a los cielos, un intermediario entre las bacterias y las células eucariotas se tragó a la bacteria que originó las mitocondrias, qué le vamos a hacer, pero al fin y al cabo eso se puede considerar una especie de mutación en sentido lato, una fuente de variación no prevista por el neodarwinismo, es cierto, pero no muy diferente en el fondo de las variaciones continuas, estadísticas y graduales que constituyen la *verdadera* materia prima de la selección natural.

Mostraré a continuación que éste es un enfoque erróneo y que, aunque la ortodoxia no ha asimilado aún el significado radical de la teoría de Margulis, no va a tener más remedio que hacerlo tarde o temprano.

En la lectura correcta de la teoría de la endosimbiosis serial, la célula eucariota no es el producto del gradualismo darwiniano más o menos matizado por una o dos simbiosis marginales: la célula eucariota es el producto de la simbiosis y punto. La selección natural cumple un mero papel de ajuste después de que el hecho crucial, la simbiosis, hubiera creado ya una célula eucariota con todos sus componentes esenciales. La idea no supone una modificación menor del mecanismo darwinista, sino un mecanismo radicalmente nuevo y distinto. La fuerza evolutiva que generó a la célula eucariota no fue la selección natural, sino la simbiosis, la suma constructiva de funciones complejas y completas —bacterias enteras, de hecho— previamente existentes. En el darwinismo, un organismo adquiere una nueva función compleja gracias a la lentísima acumulación de pequeños pasos, cada uno surgido del mero azar y fijado por la selección natural, es decir, fijado gracias a que aporta una pequeña ventaja respecto a la situación anterior. En el modelo de Margulis, un organismo adquiere una nueva función compleja por el simple prospecto de *comprarla* cuando ya está entera y acabada. No puede haber una diferencia más fundamental entre las dos ideas, perdónenme que insista.

La razón de que la nueva idea no se capte aún como una gran revolución es, creo, que Margulis no ha logrado demostrar la parte

más radical de su teoría. Recordemos que, según Margulis, las mitocondrias y los cloroplastos son adiciones secundarias a un suceso básico previo: la fusión de una bacteria de la familia de las arqueas (llamada *Thermoplasma* por su resistencia a las altas temperaturas) con otra del grupo de las espiroquetas. Ésta fue la simbiosis que dio lugar a lo que hemos llamado, sin mucha precisión, el cuerpo central de la célula: esa cosa, todavía sin mitocondrias ni cloroplastos, que la ortodoxia sigue suponiendo que surgió de una forma gradual y darwiniana. Analicemos este punto con un poco más de detalle.

Las espiroquetas, que todavía existen, son unas bacterias en forma de sacacorchos que se mueven muy rápido, mediante latigazos helicoidales, y que tienden a pegarse a otros microorganismos que tienen al lado, perforándoles en ocasiones (la metáfora del sacacorchos es bastante literal, como ven). Según Margulis, la espiroqueta penetró en la arquea *Thermoplasma* y aportó a la nueva sociedad los andamios de microtúbulos que hoy caracterizan a todas las células animales y vegetales. El cuerpo de la espiroqueta se quedó en la superficie de la nueva célula haciendo lo que ya sabía hacer en su vida libre: girar con latigazos helicoidales y provocar así el movimiento de la nueva célula (o su propio movimiento, si la célula está fija a algún soporte). Y los genes de la espiroqueta (que, entre otras muchas cosas, contienen la información para fabricar los andamios de microtúbulos) se unieron a los de la *Thermoplasma* para constituir el genoma de la nueva célula, que quedaría empaquetado en un núcleo por primera vez en la historia.

Margulis cree que aquellas espiroquetas originales han dado lugar a todas las actuales prolongaciones móviles de las células eucariotas, incluidas las colas de los espermatozoides y las varias clases de cilios existentes: los de los protistas (como el paramecio), los que revisten interiormente las vías respiratorias de los animales (provocando a veces la tos), los que cubren las trompas de falopio, etcétera. Todas estas prolongaciones se basan en una estructura estereotipada de microtúbulos que delata su origen común. Cuando se examinan estas prolongaciones al microscopio, en su base, junto a la membrana del cuerpo celular, siempre aparece una pequeña estructura llamada cinetosoma, que también contiene microtúbulos. El cinetosoma parece ser el *germen* a partir del cual los ladrillos que constituyen a los microtúbulos (unas proteínas llamadas tubulinas) empiezan a ensamblarse uno a uno hasta construir los alargados andamios típicos de las células eucariotas.

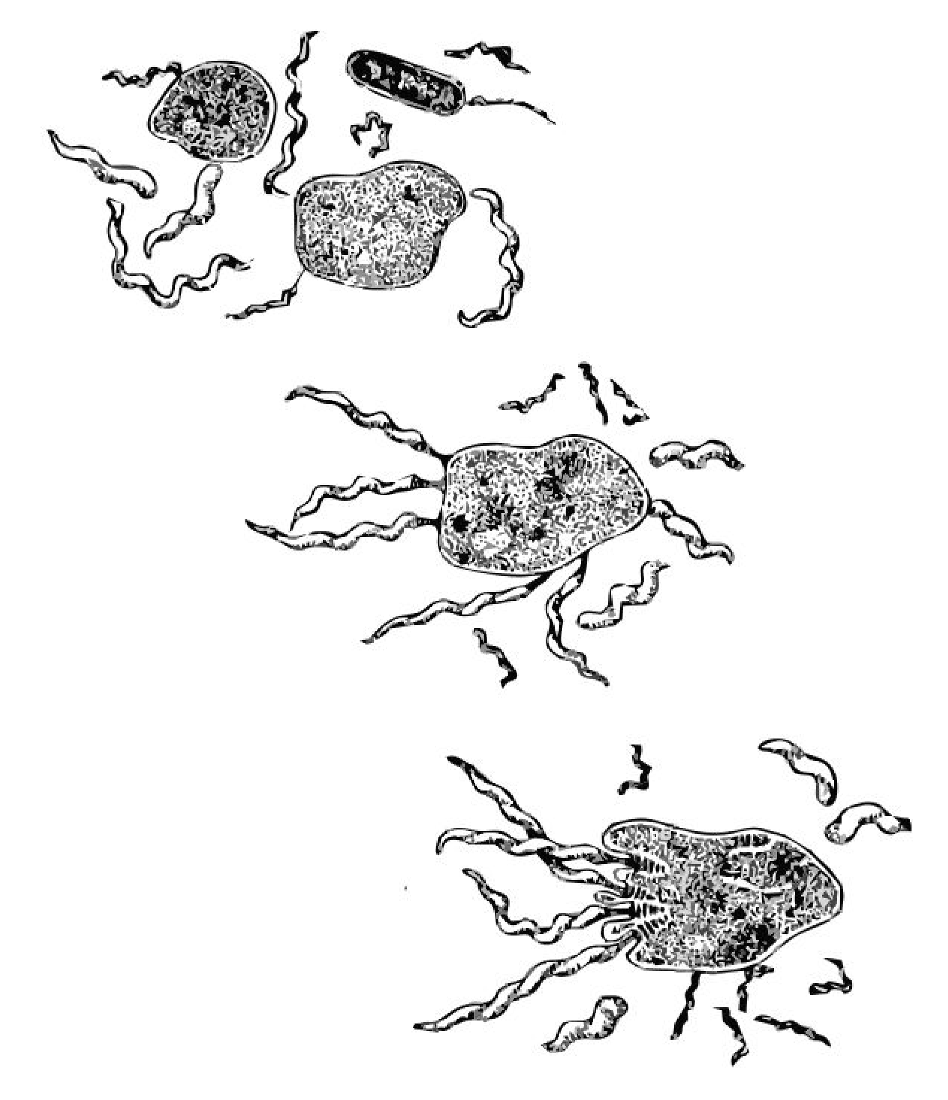


FIGURA 3.4: Las espiroquetas, bacterias alargadas que se mueven a latigazos helicoidales, tienden a asociarse a otras bacterias, y las penetran en ocasiones.

Una cosa más: las células eucariotas se dividen mediante el mecanismo de la mitosis, que garantiza que las dos células hijas contengan un genoma completo, es decir, un complemento íntegro de cromosomas. El dispositivo que se encarga de repartir con exactitud los cromosomas (llamado huso acromático) está también hecho de microtúbulos. Y estos microtúbulos crecen, en cada ronda de división celular, a partir de unas pequeñas estructuras que, en este contexto, suelen recibir el nombre de *centriolos*, pero que en realidad son idénticas a los cinetosomas que acabamos de ver en la base de las prolongaciones móviles (véase figura 3.1). Margulis cree, por esta

razón, que las espiroquetas fueron también las que aportaron a la célula eucariota el fundamento de su mecanismo de mitosis, los microtúbulos del huso acromático.

La teoría es de una belleza indiscutible, pero eso no la convierte en realidad. Todas las evidencias aportadas en su favor son circunstanciales. El dato crucial que convencería a la comunidad científica ha hecho algún amago de asomar la pata, pero no ha podido confirmarse, para desesperación de Margulis. Se trata de lo siguiente. Los genetistas John Hall, David Luck y Zenta Ramanis, de la Universidad Rockefeller, describieron en 1995 algunos genes que afectan a las propiedades de las prolongaciones móviles de un eucariota primitivo, el alga unicelular *Chlamydomonas.* Y comprobaron, por análisis genético tradicional (no molecular), que esos genes tienen cierta independencia del genoma nuclear (HALL y LUCK, 1995). La posibilidad obvia es que esos genes —al igual que ocurrió con los de mitocondrias y cloroplastos— estén localizados en una pieza de ADN asociada a los centriolos (o cinetosomas), de nuevo un remanente del material genético de la antigua espiroqueta de vida libre postulada por Margulis. Si eso fuera así, el aspecto más radical de su teoría podría demostrarse o refutarse sin más que comparar el ADN de los centriolos con el de las actuales espiroquetas. Pero, por desgracia, los investigadores que han intentado visualizar o aislar ese ADN no lo han conseguido por el momento. Científicos del prestigio de Max Taylor, Carl Woese y Tom Cavalier-Smith no aceptan la parte radical de la teoría de Margulis, y siguen convencidos de que el cuerpo central de la célula eucariota evolucionó gradualmente a partir de un solo microbio de la familia de las arqueas.

Pese a ello, mi opinión es que la parte radical de la teoría de Margulis ha sido ya demostrada por un camino independiente, aunque los detalles no acaben de cuadrar. El científico indio Radhey Gupta, actualmente catedrático de bioquímica en la Universidad McMaster, en Ontario (Canadá), ha revolucionado en los últimos años el campo de la evolución molecular (la deducción del pasado mediante las comparaciones del ADN de los seres vivos actuales) gracias a una poderosa herramienta metodológica puesta a punto por él mismo. Veamos brevemente en qué consiste.

La técnica convencional (pre-Gupta) para deducir el pasado consiste en calcular, más o menos en bruto, el grado de parecido que un gen universal muestra cuando se compara en las distintas especies actuales. Si el gen es muy parecido en dos especies, éstas deben tener un ancestro común reciente. Cuanto menos parecido, más antiguo será ese ancestro común. Acumulando datos de este tipo en muchas

especies, se puede deducir un árbol genealógico que las ordene en el tiempo. En las últimas décadas, el mencionado Carl Woese (uno de los principales opositores actuales a la teoría radical de Margulis) hizo exactamente eso con un gen llamado rRNA 16S, que fabrica una parte del ribosoma, la máquina celular universal donde los genes se traducen en proteínas. El árbol genealógico así construido por Woese revelaba que todo el mundo vivo se podía clasificar en tres ramas fundamentales. Los procariotas (el grupo al que comúnmente se llamaba «bacterias») debían dividirse en realidad en dos ramas fundamentales: las bacterias propiamente dichas y las arqueas. Estas últimas son muy similares a las bacterias en aspecto, pero son capaces de vivir en condiciones muy extremas de temperatura, acidez o salinidad. La otra gran rama estaba formada por todos los eucariotas, unicelulares como los protistas o multicelulares como las plantas y los animales. En las comparaciones de Woese, los eucariotas resultaban más parecidos a las arqueas que a las bacterias, por lo que este científico y muchos otros dedujeron que los eucariotas habían evolucionado (gradualmente, por supuesto) a partir de arqueas primitivas. Éste es todavía el modelo predominante en la literatura científica.

El innovador Gupta, en lugar de comparar las secuencias de ADN en bruto, se ha centrado estos años en lo que él llama *firmas:* no cambios de una letra por otra en el ADN, sino inserciones o deleciones de varias bases contiguas. La diferencia de enfoque ha resultado ser crucial. Las mutaciones que cambian una letra por otra son muy comunes. Pero, como sólo hay cuatro letras, también es bastante frecuente que la nueva letra vuelva a sustituirse por la antigua, un proceso conocido como reversión. Éste y otros hechos embarran en cierta medida las conclusiones. Sin embargo, cuando ocurre una deleción que se lleva por delante 10 o 20 letras, o una inserción que añade otras tantas, la reversión a la forma original es sencillamente imposible. Estas *firmas* son, por tanto, una especie de marca indeleble en la gran historia de los linajes biológicos. Gupta puede, sin dudar un segundo, deducir que un gen humano concreto proviene de, pongamos por caso, un microbio perteneciente al grupo de las «bacterias verdes del azufre». La *firma* lo delata. Si hace 2.000 o 3.000 millones de años una primitiva bacteria verde del azufre sufrió una deleción de 15 letras en uno de sus genes, y si los animales hemos heredado ese gen de aquella bacteria, esa deleción seguirá presente en cualquier ser humano actual. Así de simple. La metodología de Gupta posee un poder sin precedentes en el campo de la evolución molecular. La *firma* es un auténtico fósil viviente, una huella digital indeleble que revela

los crímenes ocurridos en los albores de la vida en la Tierra.

Analizando muchos genes de esta forma, Gupta ha alcanzado una conclusión totalmente distinta al árbol canónico de los tres reinos deducido por Woese. La división esencial de los procariotas no es entre bacterias y arqueas, como dice Woese, sino entre los dos grupos clásicos que nuestros abuelos estudiaban en el colegio: las bacterias gram-positivas y las gram-negativas. Ocurre a veces que los más viejos conceptos tienen una razón de ser más profunda que sus elaboraciones posteriores, y éste es uno de esos casos. La tinción de Gram clasificaba a las bacterias por un criterio tan tosco que, en efecto, no podía por menos que distinguir cualidades estructurales muy importantes. Las bacterias gram-positivas, que son las más antiguas de la Tierra, tienen sólo una membrana externa. Las gram-negativas, que derivaron de las anteriores, tienen dos membranas externas. Ésa es la división esencial entre las bacterias, según el nuevo árbol de Gupta, que ha devuelto la razón a la microbiología decimonónica. Las arqueas, elevadas por Woese nada menos que a la categoría de Reino biológico fundamental, han resultado ser en realidad una mera clase, cierto que un poco rara, de bacterias gram-positivas. No sólo comparten las *firmas* en muchos genes, sino que ambas tienen una sola membrana externa. Las inagotables baterías de datos de Gupta, presentadas una tras otra en las diapositivas de un seminario científico, poseen una belleza árida, nítida y luminosa como un amanecer en el desierto. Según he podido comprobar, pocos científicos las aguantan sin cabecear, pero la verdadera historia de la vida se despliega allí ante los ojos que quieran permanecer abiertos. Ustedes no se duerman, que todavía queda lo mejor.

Gupta ha analizado con su lupa de alta precisión centenares de genes eucariotas. Más o menos la mitad siguen la pauta predicha por la teoría canónica de Woese: provienen sin duda de una antigua arquea. Pero la otra mitad de los genes proviene, con igual claridad, de otra bacteria totalmente distinta, una gram-negativa. Así lo expresó Gupta en marzo de 2001:

> Estos resultados muestran que la célula eucariota ancestral no se originó directamente de una arquea o de una bacteria, sino que es una quimera formada por la fusión y la integración de los genomas de ambas, arquea y bacteria.

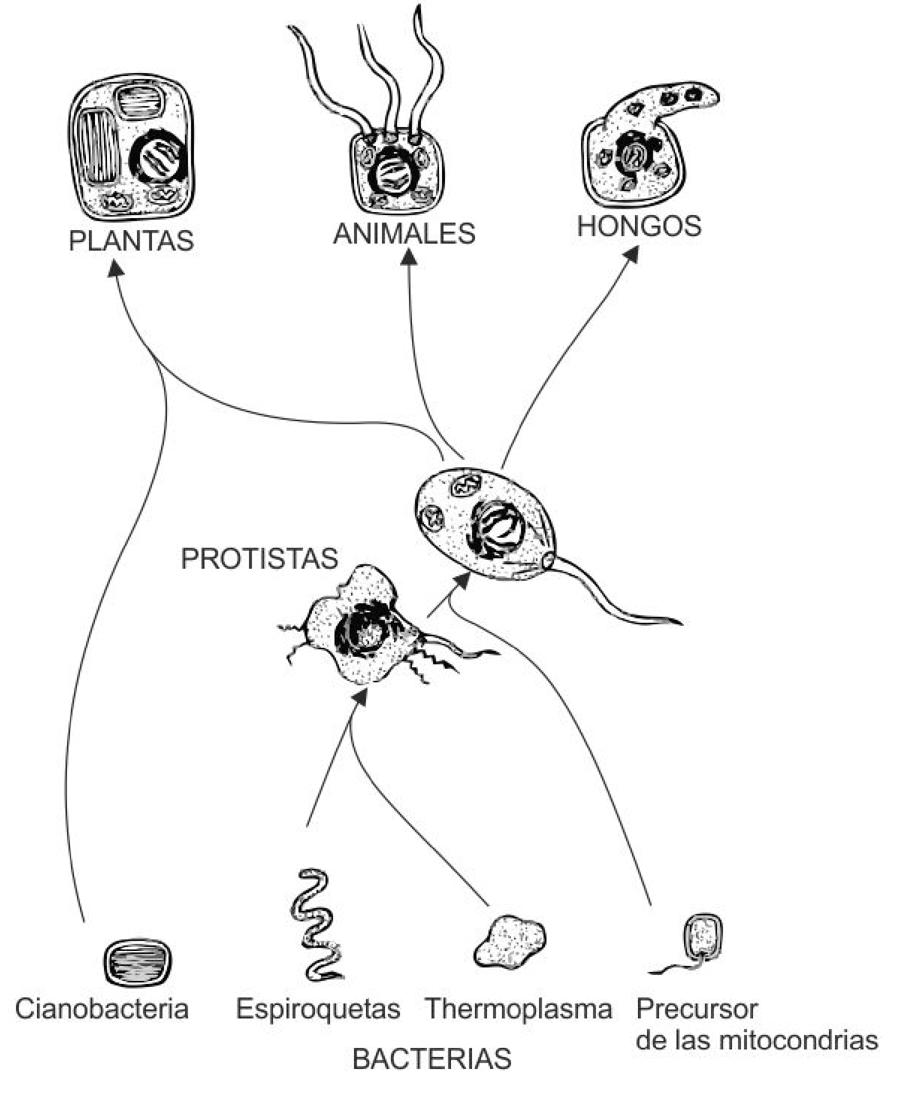


FIGURA 3.5: Teoría de Margulis para la formación de la primera célula eucariota.

En mi opinión, los abrumadores datos de Gupta demuestran por encima de toda duda razonable la parte más radical de la teoría de Margulis. La célula eucariota original, incluso antes de la adición de las mitocondrias y los cloroplastos, no se formó por evolución darwiniana desde una arquea, como siguen sosteniendo Woese, Taylor y muchos otros científicos —y como explican pertinazmente cada vez más libros de texto—, sino por la fusión de una arquea con otra bacteria, una gram-negativa para ser exactos. Los genomas de ambas están todavía ahí, en cada célula de su cuerpo, amable lector, constituyendo su sacrosanto genoma nuclear. A esa fusión simbiótica inicial se añadieron luego las mitocondrias, y después los cloroplastos.

Los datos de Gupta nos revelan aún más hechos fascinantes. Muchos genes aportados por la bacteria gram-negativa a la fusión inicial están relacionados con el metabolismo, la *cocina* de la célula que se encarga de romper unas moléculas y recomponer los fragmentos para formar otras, según las disponibilidades y necesidades de cada momento. Y muchos genes aportados por la arquea están relacionados con el procesamiento de la información genética. Se ocupan de replicar el ADN, transcribirlo en ARN y traducir el lenguaje de estos ácidos nucleicos —un texto lineal escrito en bases— al lenguaje de las proteínas, un texto también lineal, pero escrito con un tipo muy diferente de letras, los aminoácidos. La razón de esta sorprendente división del trabajo simbiótico es un completo misterio, pero el hecho explica la discrepancia con las conclusiones ortodoxas de Woese. Recuerden que el árbol genealógico de este autor se basaba en el gen rRNA 16S, que es parte de la maquinaria de procesamiento de la información; la que viene de la arquea. *Voila!*

Sólo una cosa más. Por si cabía alguna duda, los datos de Gupta demuestran que la célula eucariota se formó una sola vez en la historia. O, mejor dicho, que todos los eucariotas actuales provenimos de la misma célula eucariota original (si hubo otras, no dejaron descendencia). El acontecimiento de fusión *per se* dejó varias *firmas* en el ADN, inserciones o deleciones que no están en ninguna bacteria ni arquea, pero que aparecen en todos —todos— los eucariotas examinados, sean protistas, plantas o animales. La vida surgió una sola vez en la Tierra. Y la célula eucariota también. Veremos más adelante que esta misma unicidad o singularidad es una propiedad tozuda de otros acontecimientos en la historia de la vida.

Gupta ha demostrado la teoría radical de Margulis, pero no la versión *exacta* de Margulis, según la cual la primera fusión ocurrió entre una arquea —ningún problema hasta ahí— y una espiroqueta —aquí viene el problema—. Vimos antes que los argumentos de Margulis a favor de la espiroqueta eran de tipo estructural, entre ellos el parecido entre las espiroquetas y las actuales prolongaciones móviles de las células eucariotas. Cuando le pregunté a Gupta por este particular, en marzo de 2001, su voz hasta entonces afable escaló un par de líneas en el pentagrama para susurrar: «Le he dicho varias veces a Lynn que los eucariotas no tienen en sus genes la *firma* de las espiroquetas, pero ella sigue insistiendo». Y cuando le fui con ese cuento a Margulis, ella puso un gesto de benevolente exasperación y dijo: «Radhey [Gupta] es el mejor del mundo con las comparaciones de secuencia, pero no tiene ni idea de biología estructural». Bien, así están las cosas en el frente de vanguardia.

Hay otra diferencia mucho más fundamental entre los puntos de vista de Gupta y Margulis. Gupta cree que el mecanismo simbiótico que creó la célula eucariota es un suceso excepcional en la historia del planeta, y que el resto de la evolución biológica se basa en procesos darwinianos convencionales. Margulis, sin embargo, está convencida de que la simbiosis, y no la selección natural, es el verdadero motor de la evolución en su conjunto. Por el momento es imposible saber de qué parte está la razón, pero la genómica comparada —la comparación entre los genomas completos de muchas especies más o menos emparentadas— resolverá sin duda esta cuestión en pocos años. Permanezcan atentos.

4

Margulis no basta

La teoría de la endosimbiosis serial de Margulis es obviamente mucho más interesante, sensata y realista que los dogmáticos balbuceos darwinistas para explicar el origen de la célula eucariota. Pero también es obviamente incompleta. En este capítulo expondré por qué, basándome en tres desconcertantes misterios revelados por la biología molecular.

Misterio 1. *El splicing*

Para leer esta frase, usted ha empezado por la izquierda, está ahora mismo progresando hacia la derecha y dentro de poco alcanzará el punto final. Al hacerlo, usted no ha encontrado frases intercaladas del tipo «No siga usted leyendo esto, por Dios» o «Quite esta frase de aquí y el resto tendrá sentido». Los seres vivos, sin embargo, se encuentran muy a menudo con ese tipo de estorbos cuando leen sus genes. Se llaman *intrones*. Son segmentos de ADN que aparentemente no hacen nada útil y están colocados, de manera incomprensible, en mitad de los genes. Después de leerlos, la célula debe detectarlos, desgajarlos de la información propiamente dicha, y volver a pegar los trozos restantes afinando exactamente a la letra, con extrema precisión. Este costoso proceso recibe el eufónico nombre inglés de *splicing* (que viene a querer decir «empalmar»), pero se trata en realidad de un verdadero engorro. Una rémora que comparten, inexplicablemente, todos los animales y plantas, y gran parte de los protistas: es decir, la generalidad de los eucariotas.

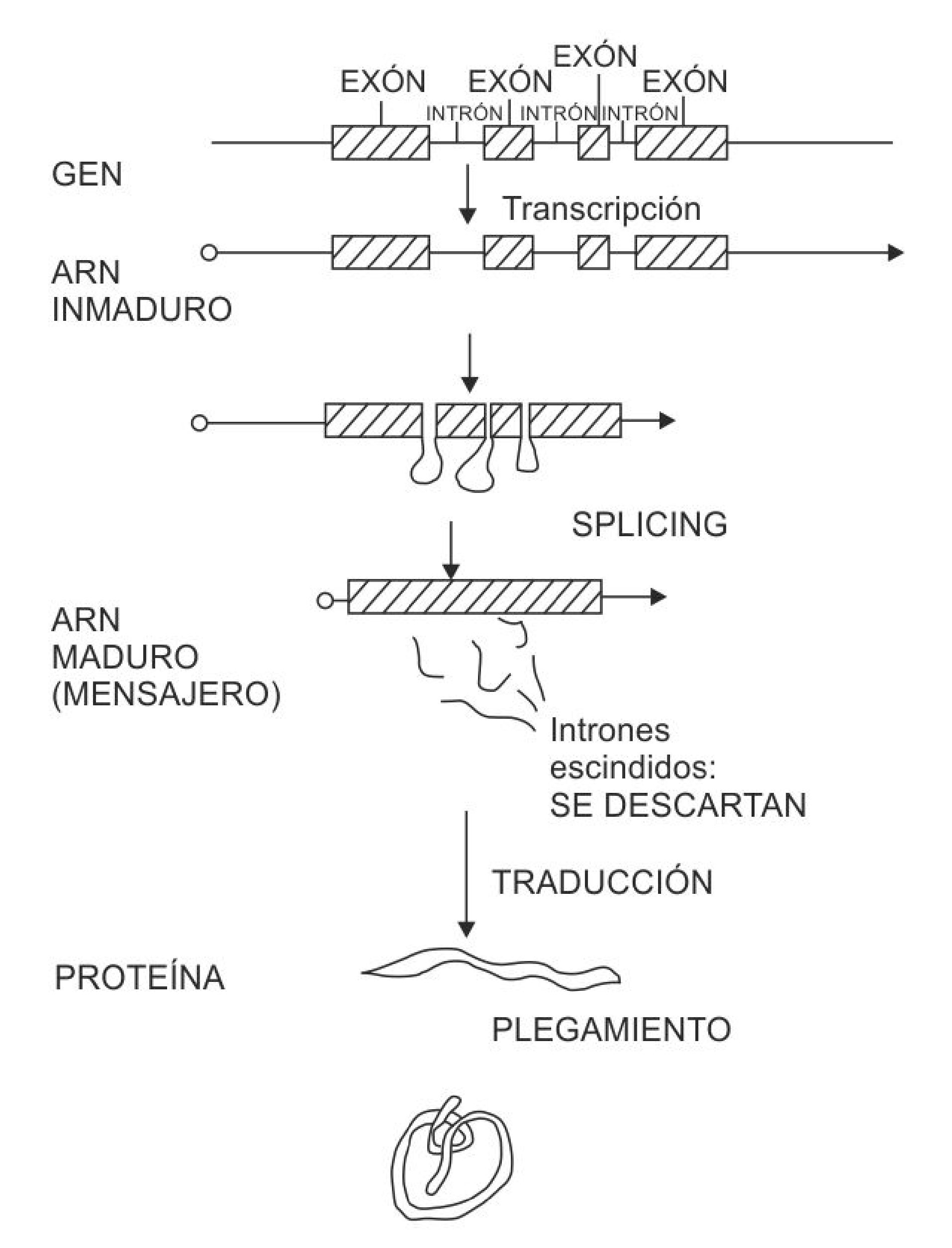


FIGURA 4.1: La información de los genes está interrumpida por segmentos de ADN sin sentido, llamados intrones. Para poder leer los genes correctamente, la célula debe primero eliminar los intrones del ARN mensajero, en el proceso conocido como *splicing*.

¿Qué diseñador, qué especie de ingeniero, qué clase de Creador hubiera dispuesto las cosas de una manera tan estúpida? ¿A qué vienen, señor diseñador, esos malditos intrones? ¿Quién los encargó? ¿No será mejor leer los genes de un tirón, como se lee cualquier texto, cualquier melodía tonal o dodecafónica, cualquier secuencia

cinematográfica o cualquier programa informático inventado por el ser humano? ¿Para qué demonios esas interrupciones absurdas que luego hay que tomarse el fastidioso trabajo de quitar de en medio? ¿Qué diría ahora el reverendo Paley, máximo exponente del *argumento teológico del diseño* que pretendía demostrar la existencia de Dios a través de la perfección de sus obras biológicas?

Pues, por mentira que parezca, nos podemos hacer una idea bastante cabal de lo que hubiera dicho Paley. Habría dicho: «Los intrones están ahí porque permiten a las especies evolucionar más eficazmente». ¿Cómo? ¿Paley hablando de evolución? ¿Hasta dónde va a llegar esta farsa?

Pues sí. Paley hubiera tenido que hablar de evolución porque no le hubiera quedado otro remedio. En los casi 30 años de exhaustiva investigación que han pasado desde que se descubrió el *splicing,* nadie ha podido intuir qué utilidad, por mínima y retorcida que sea, pueden tener los desconcertantes intrones para la célula (o el organismo) que los alberga. Con una excepción: la utilidad evolutiva. La idea, que fue propuesta en los años setenta por William F. Doolittle y Walter Gilbert, consiste en lo siguiente: si los genes están divididos en segmentos (llamados «exones» por oposición a los «intrones» que los interrumpen), será porque cada segmento (cada exón) es, de alguna forma, una unidad funcional. No una unidad funcional del gen, porque el gen no es más que un texto, y tener que dividirse en segmentos es un verdadero estorbo para él, como para cualquier texto. Pero sí una unidad funcional de la proteína que el gen *significa* (véase glosario). Muchísimas proteínas están, en efecto, hechas de *segmentos* especializados: uno para catalizar una reacción química, otro para alimentarla de energía, otro para interactuar con otra proteína, otro para anclarse a cierta membrana de la célula, o para colarse en uno u otro de sus compartimentos. ¿No será que cada exón, es decir, cada segmento de gen comprendido entre dos intrones, corresponde a un segmento especializado de la proteína? Se trata de una idea simple, y fácil de someter a prueba. El resultado, por lo que sabemos hoy, es que *algo hay*. Algunos exones, aunque desde luego no todos, corresponden a segmentos especializados de la proteína. No es perfecto, pero casi nada en biología lo es: tal vez la correspondencia fue estricta en el pasado, y la evolución posterior lo ha complicado todo. Demos una oportunidad a Doolittle y Gilbert, y veamos adonde nos lleva su idea.

Si los exones —algunos de ellos, al menos— se corresponden con los segmentos funcionales de las proteínas, ¿qué sacaríamos con ello, si los genes no se aprovechan ni lo más mínimo de esa armoniosa

correlación semántica? Los genes pueden estar todo lo divididos en exones que quieran, pero lo primero que hacen antes de dar a leer su información es librarse de las interrupciones y pegar todos los exones juntos en el mismo orden en el que ya estaban. Es decir: dejar las cosas como siempre hubieran sido de no existir los intrones. La célula *no se entera* en ningún momento de que la información del gen estaba inicialmente dividida en esos paquetes semánticos tan elegantes. Si no lo hubiera estado, el resultado hubiera sido el mismo: una sola proteína, un solo texto lineal, compuesto de varios segmentos funcionales, sí, pero sin interrupción alguna entre uno y otro. ¿Entonces qué sacamos de todo esto?

Sólo una cosa: que los genes podrían evolucionar más eficazmente, y por lo tanto hacer evolucionar a las especies más rápidamente. Ya se lo dije al lector: la única salida de Paley era la evolución. Y ésa es precisamente la razón de que Doolittle y Gilbert formularan la teoría de los exones y los segmentos especializados. ¿Qué mejor forma de evolucionar que barajando de vez en cuando los exones, obteniendo así nuevas proteínas, nuevas combinaciones de viejos módulos, nuevos dispositivos biológicos formados sin necesidad de empezar desde cero todo el trabajo de diseño? Este barajado de los genes en la evolución se vería enormemente facilitado por la división de los genes en exones, ya que las nuevas junturas no tendrían por qué darse en un lugar muy preciso. Cualquier unión improvisada chapuceramente en cualquier punto del intrón serviría. La maquinaria del *splicing* se encargaría luego de eliminar el chapucero intrón y pegar los dos exones, vecinos en un gen por primera vez en la historia, exactamente por el punto en que se pegaban antes a unos vecinos distintos. Sin nefastas incongruencias en la pauta de lectura. Sin añadir o quitar elementos entre los dos nuevos textos vecinos (figura 4.2).

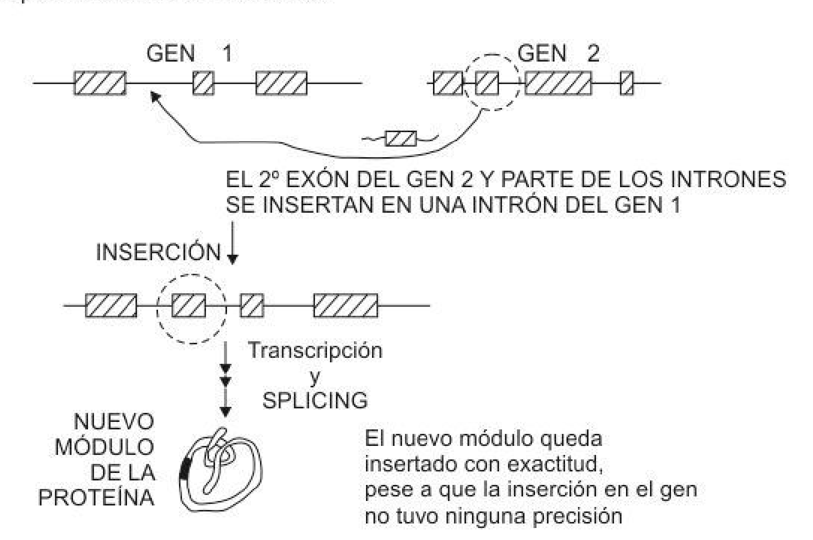


FIGURA 4.2: El hecho de que los genes contengan intrones plantea grandes ventajas para la evolución de nuevas proteínas. La incorporación de un nuevo módulo a una proteína puede basarse en un suceso muy impreciso. El *splicing* hace luego el resto.

Éste es el ejemplo más consumado que conozco de lo que podríamos llamar el *argumento metadarwinista.* Sí, he dicho *meta:* no es ya que las cosas sean como son porque eso las hace un poco más eficientes que sus predecesoras, como nos diría Darwin, sino que las cosas son como son porque eso les puede reportar en el futuro lejano la gran ventaja de evolucionar darwinianamente hacia otra cosa impredecible. La verdad es que el argumento se las trae. El metadarwinismo, posiblemente, habría repugnado profundamente a Darwin, que hizo enormes esfuerzos intelectuales por mantenerse pegado a una teoría lo más honrada posible, basada en mecanismos estrictamente locales, transitorios, ciegos, carentes de previsión, de sentido, de estrategia. La *evolucionabilidad* no es una parte natural de la teoría de la evolución de Darwin. Y de hecho, la ortodoxia darwinista siempre se ha sentido muy incómoda con ese concepto.

Pero eso no invalida el metadarwinismo como posibilidad teórica. Los argumentos a favor del metadarwinismo pueden llegar a ser un poco rebuscados, pero son lógicamente admisibles, y vienen a sonar como sigue. De las especies existentes en cualquier momento, todas igualmente eficaces y adaptadas, siempre habrá algunas que, por mero azar, sean más flexibles, más adaptables, más *evolucionables* que otras. Ese mero hecho no les sirve de nada en principio, desde luego. Pero cuando sobreviene una crisis —un cambio drástico del entorno, la irrupción de un nuevo predador, el ya clásico meteorito—, las especies más rígidas lo pasan muy mal para subsistir, mientras que las más

evolucionables pueden salvarse por el simple prospecto de, bueno, pues eso, de evolucionar hacia otra cosa. Y ahora viene lo más importante: A lo largo de millones o de miles de millones de años, habrán tenido lugar tantas crisis que la *evolucionabilidad* habrá acabado por evolucionar, por hacerse cada vez más sutil, eficaz y previsora. De ahí los intrones.

Los argumentos metadarwinistas, como se ve, suelen estar en el límite de la desintegración del darwinismo. Pero no son absurdos. Por muy útil que acabara resultando en el futuro, nada impide que el *splicing* pudiera surgir como una chapuza histórica de la que es muy difícil librarse. Al fin y al cabo, el *splicing,* por complicado que parezca, podría basarse simplemente en una o dos proteínas capaces de cortar a los ácidos nucleicos en ciertas posiciones, y de volverlos a pegar en ciertas otras, y éstas son funciones que seguramente serían necesarias de todos modos, aunque el *splicing* no hubiera hecho nunca su ridícula aparición. El *splicing* pudiera muy bien ser un mero efecto secundario de invenciones evolutivas más básicas y mucho más importantes en el corto plazo: el único plazo que Darwin nos permite utilizar como argumento evolutivo. Su gran utilidad para la *evolucionabilidad* de su poseedor sería un efecto colateral, que sólo se dejaría sentir mucho más tarde. Ésta es la justificación de los argumentos metadarwinistas, en éste y otros casos.

Pero no funciona, al menos en este caso. El dispositivo molecular que se ocupa de eliminar los intrones del ARN mensajero y pegar juntos los exones para permitir una lectura *de corrido,* una lectura que quiera decir algo, recibe el horrible nombre de *spliceosoma,* y comprende cerca de un centenar de proteínas y media docena de pequeñas moléculas de ARN. El *spliceosoma* es muy parecido en todos los eucariotas, y es obvio por ello que debió *inventarse* antes de que los protistas, los hongos, los animales y las plantas emprendieran sus caminos evolutivos en solitario. Es decir, hace unos mil o dos mil millones de años. Pero si el *splicing* se basa en un mecanismo tan complicado, ¿de dónde diablos lo sacaron los eucariotas?

Si la teoría de Margulis es correcta, el *splicing* debe provenir de alguno de los procariotas que se asociaron simbióticamente para crear la primera célula eucariota. Pero ningún procariota conocido tiene nada parecido a un *spliceosoma.* Bien, intentemos simplificar las cosas. Pese a la exuberante diversidad de proteínas que contiene el *spliceosoma,* sus componentes esenciales son los pequeños ARNs, que son los que hacen directamente el trabajo de eliminación de los intrones. Para entender el origen del *splicing,* por lo tanto, es imprescindible saber de dónde salieron estos pequeños ARNs. ¿Hay en

las bacterias algo parecido a los pequeños ARNs del *spliceosoma* eucariota?

Las bacterias no tienen nada parecido a un *spliceosoma*, pero sí tienen intrones en algunos de sus genes, y tienen por tanto que deshacerse de aquéllos para poder leer éstos. Y, curiosamente, también usan una molécula de ARN para catalizar la reacción de escisión de los intrones. Lo que ocurre es que ese ARN es… ¡el propio ARN del intrón! Estos intrones bacterianos, que se conocen como «intrones del grupo II», poseen en sí mismos la actividad enzimática necesaria para escindirse del ARN mensajero. Y ahora viene lo más importante: las reacciones químicas implicadas en esa escisión son *exactamente las mismas* que las realizadas por el *spliceosoma* en los organismos eucariotas. Es posible, por tanto, que los pequeños ARNs del *spliceosoma* se originaran en la evolución como fragmentos de un intrón bacteriano del grupo II. Nada de esto se opone a la teoría de Margulis, siempre que uno suponga que el centenar de proteínas del *spliceosoma* no sirve en realidad de gran cosa, y que, por así decir, se apuntaron a ese bombardeo en los inicios de la evolución eucariota por la sencilla razón de que nada se lo impidió en aquellos tiempos difíciles.

Incluso después de todas estas concesiones, sin embargo, queda un problema bastante grave. En los organismos eucariotas, el *splicing* es sólo un paso del intrincado proceso que se ocupa de leer la información contenida en los genes. (El término técnico para esta lectura es *expresión genética)*. La versión de libro de texto de este mecanismo sigue siendo el esquema simple formulado en los años sesenta por Crick, Watson, Brenner, Jacob y Monod: el ADN que forma un gen se *transcribe* (es decir, se copia) en una molécula similar llamada ARN mensajero, que tiene la misma secuencia de bases. Mientras el ADN permanece en el núcleo, el ARN mensajero sale al citoplasma de la célula, donde su texto escrito en bases se *traduce* en una secuencia precisa de aminoácidos, es decir, en una proteína. Este modelo básico sigue siendo válido en lo esencial cuarenta años después de su formulación, pero los detalles han resultado ser horrorosamente complicados.

Hoy sabemos que el proceso de lectura *(expresión)* de los genes requiere varias máquinas multiproteicas (es decir, compuestas por varias proteínas) exquisitamente acopladas *en todos los eucariotas,* desde las miserables amebas unicelulares hasta los gloriosos seres humanos. Una máquina multiproteica se ocupa de iniciar la transcripción del ADN en ARN; otra de elongar la naciente molécula de ARN, y aún otra de finalizar esa elongación; en paralelo, y nada

más comenzar el recién mencionado proceso de transcripción, otras máquinas multiproteicas *sellan* el extremo inicial del ARN, realizan el *splicing* y añaden una etiqueta (consistente en una ristra de letras A) en el extremo final. Otras máquinas multiproteicas *exportan* el ARN, ya liberado de sus intrones y bien acicalado en sus dos extremos, desde el núcleo hasta el citoplasma, donde será traducido en una proteína. Esta traducción, por cierto, se lleva a cabo en otra máquina llamada ribosoma. En los últimos años ha ido resultando más y más evidente que estas máquinas multiproteicas no son independientes: la que inicia la transcripción interactúa (y comparte elementos) con la que se ocupa de la elongación, que a su vez mantiene contactos con la que la termina, etcétera. Pero los datos más recientes revelan un grado de integración que va mucho más allá de esos contactos más o menos vecinales. *Todas* las máquinas del proceso están profundamente interconectadas. Por ejemplo, la primera, que inicia la transcripción, comparte elementos con la última, que exporta el ARN maduro al citoplasma. En una reciente revisión de este problema, los científicos de Harvard Tom Maniatis y Robin Reed concluyen:

> La vasta red de acoplamientos discutida aquí revela que virtualmente todos los pasos de la expresión genética [la *lectura* de los genes], desde el primero hasta el último, están acoplados. La imagen que emerge es que la expresión genética se lleva a cabo en una *factoría inmovilizada,* consistente en un gran número de máquinas interactivas, que orquesta los múltiples pasos del proceso. (MANIATIS y REED, 2002.)

Éste es el problema grave al que me refería, porque la máquina del *splicing* (el *spliceosoma*) conforma el mismísimo centro de esa factoría, y establece una complejísima, y exquisitamente ajustada, red de interacciones con *todas* las demás máquinas multiproteicas de la factoría: con las máquinas de iniciación, elongación y terminación de la transcripción de ADN en ARN, con las que *sellan* el extremo inicial del ARN y *etiquetan* su extremo final, y con las que exportan el mensajero desde el núcleo hasta el citoplasma. El *splicing* no parece provenir ni de una molesta chapuza añadida secundariamente al esencial dispositivo de la transcripción, ni de un inevitable accidente al que la evolución encontró después la utilidad de la *evolucionabilidad:* el *splicing* está integrado hasta el cuello en el mismísimo centro lógico de la factoría para leer genes que utilizan *todas* las especies de protistas, hongos, plantas y animales, seguramente desde la mismísima invención de la célula eucariota.

El *splicing* dota con toda probabilidad a los organismos que lo poseen de una notable creatividad y *evolucionabilidad,* gracias a que ofrece una forma fácil de barajar los exones de los genes y crear así nuevas proteínas. Pero su aparición no parece responder a un progresivo incremento de la *evolucionabilidad,* forjado a base de extinciones masivas que barrieron del mapa a todas las especies excepto a las que, como efecto secundario e impredecible de algún otro mecanismo, tuvieron la suerte de poseer una mayor flexibilidad evolutiva. Al menos en este caso, la *evolucionabilidad* es una propiedad de un sistema complejo, inventado una sola vez en la historia, sin formas transitorias obvias, integrado en el mismísimo epicentro de una factoría esencial del núcleo eucariota, y que ha permanecido esencialmente íntegro desde su aparición, hace tal vez unos mil millones de años. La *evolucionabilidad* nunca cuadra muy bien con el darwinismo, pero es que en este caso ni siquiera parece cuadrar con el *metadarwinismo.* Y la factoría como tal no existe en las arqueas ni en las bacterias, con lo que la teoría de Margulis también se ve en dificultades en este caso. ¿Por dónde se sale de este túnel? De momento, por otro túnel aún más oscuro: el *cronocito.* Siga leyendo.

Misterio 2. *El cronocito*

Si lo que venimos denominando el *cuerpo central* de la célula eucariota, es decir, la estructura básica que todavía carece de mitocondrias y cloroplastos, se formó mediante la simbiosis de una arquea y una bacteria, como propone la teoría de Margulis, el genoma eucariota fundamental —el conjunto de genes compartidos por protistas, hongos, plantas y animales— debería consistir en la suma de los genomas de la arquea y la bacteria que intervinieron en la fusión. Naturalmente, muchos de esos genes serían redundantes (la arquea y la bacteria debían tener cientos o miles de genes muy parecidos) y podrían resultar eliminados más tarde. Y cada reino eucariota —protistas, hongos, plantas y animales— habrá sido muy libre después de incorporar nuevos genes específicos y peculiares. Pero los genes compartidos por los cuatro reinos eucariotas debían estar ya presentes en el ancestro común de todos ellos, y cabría esperar que hubieran sido aportados bien por la arquea, bien por la bacteria. Esta predicción se cumple para muchos genes —por ejemplo para los analizados por Radhey Gupta, que vimos en el capítulo anterior—, pero no para todos.

Hyman Hartman, del Massachusetts Institute of Technology (MIT), y Alexei Fedorov, de la Universidad de Harvard, han aprovechado los

genomas ya conocidos para poner a prueba esa predicción. Primero han buscado el genoma eucariota fundamental: aquellos genes compartidos por *Giardia lamblia* (un protista), la levadura de la cerveza (un hongo), la mala hierba *Arabidopsis thaliana* (una planta) y dos animales: el gusano *Caenorhabditis elegans* y la mosca *Drosophila melanogaster.* Según sus datos, ese genoma fundamental eucariota está compuesto por 2.136 genes. (HARTMAN y FEDOROV, 2002.)

A continuación, Hartman y Fedorov se han preguntado cuántos de esos genes provienen de la bacteria y de la arquea que intervinieron en la fusión. No han hecho ninguna suposición sobre qué bacteria y qué arquea concretas podían ser: se han limitado a preguntarse cuáles de los 2.136 genes del genoma eucariota fundamental pueden encontrarse en *cualquier* bacteria o arquea de la cincuentena de especies cuyos genomas se han secuenciado ya. La mayoría de esos genes (1.789) existen en bacterias o en arqueas, y por lo tanto pudieron muy bien ser aportados por éstas durante el suceso simbiótico. Pero los otros 347 genes no tienen equivalentes en ninguna bacteria ni en ninguna arquea conocida. ¿De dónde salieron, entonces? He aquí el misterio.

En realidad, el misterio es mucho más profundo de lo que sugiere esa simple cifra de 347 genes. El verdadero enigma aparece cuando averiguamos de qué se ocupan esos genes. Vimos en el capítulo pasado que, en líneas generales, la bacteria (fuera o no una espiroqueta) había aportado a la fusión los genes del metabolismo, la *cocina* química de la célula, y que la arquea había aportado los genes *autoalusivos* que se ocupan de procesar y manipular la propia información genética: replicar el ADN, transcribirlo en ARN y traducirlo al lenguaje de las proteínas. ¿A qué se dedican los famosos 347 genes que no provienen ni de las bacterias ni de las arqueas? Les advierto que la respuesta es muy extraña, por si prefieren no seguir leyendo.

Sabemos que el paso evolutivo de los procariotas (arqueas y bacterias) a los eucariotas es la mayor discontinuidad de la historia de la Tierra. La diferencia más vistosa entre ambos tipos de células es la que da nombre a ambos grupos: los eucariotas tienen su genoma empaquetado en un núcleo, y los procariotas no tienen núcleo. Pero hay otros tres dispositivos o procesos, esenciales y altamente complejos, que poseen todos los eucariotas y no posee ningún procariota:

1. La *endocitosis,* un sistema muy organizado que sirve para engullir a otras células, o fragmentos de células, o virus o moléculas grandes, y para degradarlos en condiciones controladas dentro de unas

vesículas (esferitas membranosas) que se fusionan, se separan y se trasladan por el interior de la célula en una coreografía complicada y precisa.

2. El sistema de *transducción de señales*, una maraña inextricable de proteínas que modifican a otras proteínas que modifican a otras proteínas, utilizada por todas las células eucariotas para comunicar *(transducir)* los mensajes que reciben del exterior (hormonas, contactos con otras células, factores que estimulan la división celular, etcétera) a los centros logísticos del interior de la célula.

3. La *factoría del núcleo*. El hecho de tener el genoma empaquetado en un núcleo conlleva la necesidad de disponer de un sistema de puertas *(poros nucleares)* que den paso de forma selectiva y regulada a los componentes celulares que se fabrican en el citoplasma y deben luego entrar al núcleo (centenares de proteínas) y a los que se fabrican en el núcleo y deben salir al citoplasma (como los ARNs mensajeros). Estas máquinas de tráfico aduanero están asociadas a varias otras máquinas que condensan o relajan con precisión a las distintas partes del material genético, y que se ocupan de su activación modulada, de la regulación de su transcripción y otros procesos nucleares exquisitamente acoplados. Uno de ellos es el *splicing*, que vimos en detalle en la sección anterior.

Éstas son las tres *marcas de fábrica* de los eucariotas: los tres dispositivos complejos que todos los eucariotas comparten y que ningún procariota posee. Si la primera célula eucariota evolucionó por la simbiosis de dos (o más) células procariotas, cabría conjeturar que esos tres dispositivos complejos surgieron de la suma de partes más simples aportadas por los procariotas que intervinieron en la fusión, por más que el sistema sufriera con posterioridad toda clase de complicaciones y ajustes. Pero los análisis comparativos de Hartman y Fedorov parecen fulminar esa hipótesis. Porque los genes necesarios para construir las tres *marcas de fábrica* eucariotas (la endocitosis, el sistema de transducción de señales y la factoría del núcleo) no parecen provenir ni de la bacteria ni de la arquea que intervinieron en la fusión: ¡Son precisamente los famosos 347 genes que comparten todos los eucariotas y que no están presentes en ningún procariota conocido! Para ser más exactos, de esos 347 genes exclusivos de los eucariotas, 91 están relacionados con la endocitosis, 108 con la transducción de señales y 47 con las máquinas del núcleo (la función de los 101 restantes se desconoce por el momento). ¿Qué demonios pasa aquí?

Vaya por delante que estos hechos no refutan la teoría de Margulis: el 85% del genoma eucariota fundamental está constituido por genes de bacterias y de arqueas, y ello viene en apoyo de la teoría simbiótica

de Margulis. Pero que el otro 15% del genoma eucariota fundamental, precisamente los 347 genes que no existen ni en arqueas ni en bacterias, sea precisamente el responsable de las tres *marcas de fábrica* del mundo eucariota no es la clase de cabo suelto con la que uno puede dormir tranquilo. Si la célula eucariota se formó por simbiosis, ¿cómo se traga que la esencia de la *eucariotez* haya conseguido escapar tan nítidamente del mecanismo simbiótico que dio origen a la mismísima *eucariotez*? No tiene sentido, y para mí es obvio que se nos está escapando algo muy fundamental.

La solución propuesta por Hartman y Fedorov es acudir a un *tercer hombre.* La célula eucariota (esto es, su cuerpo central) no se formó por la fusión de dos microbios, sino de tres: una bacteria, una arquea y lo que ellos llaman un *cronocito:* un tercer microorganismo que aportó los 347 genes responsables de la *eucariotez.* Es indudable que esta hipótesis resuelve matemáticamente la paradoja. Pero también es verdad que parece muy traída por los pelos. Las bacterias y las arqueas han estado siempre y siguen estando por todas partes, pero del tal cronocito nadie tiene la menor noticia. Más aún: si el cronocito era uno de los microbios que construyeron por simbiosis a la primera célula eucariota, es obvio que no podía ser un eucariota. Y si era un procariota, ¿para qué quería la endocitosis, el sistema de transducción de señales y, sobre todo, la factoría del núcleo? Demasiadas preguntas, y demasiado difíciles de responder.

Y, sin embargo, hay muchas más especies de bacterias de las que conocemos, e incluso algunas de las que conocemos parecen escondernos sus mejores cartas. Déjenme llamar su atención sobre una de ellas, llamada *Pirellula.* Es una bacteria, pero carece de las paredes celulares típicas de las bacterias. Maneja un grupo de grasas —ácidos palmítico, oleico y palmitoleico— que parecen más propias de los eucariotas que de las bacterias. Se multiplica por gemación, un mecanismo típico de eucariotas como los hongos y desconocido en otras bacterias. Y, colmo de los colmos, guarda su ADN en una estructura superficialmente parecida a un núcleo. Según los más recientes árboles genealógicos, *Pirellula* y sus primas, una familia de bacterias denominadas *planctomicetos*, son el grupo de microorganismos procariotas más antiguo de la Tierra (BROCHIER y PHILIPPE, 2002.) Nadie sabe aún si *Pirellula* puede tener algo que ver con el hipotético cronocito de Hartman y Fedorov, pero mientras escribo este capítulo (mayo de 2002) varios laboratorios del mundo se están apresurando a secuenciar el genoma de estos extravagantes microbios. Parece una buena idea, desde luego.

Misterio 3. *Las máquinas*

Las máquinas exquisitamente acopladas no son una peculiaridad del sistema de lectura o *expresión* genética que ya hemos visto dos veces en este capítulo. En enero de 2002, un equipo de 38 investigadores de la empresa Cellzome —una compañía fundada enteramente por científicos del Laboratorio Europeo de Biología Molecular (EMBL), en Heidelberg (Alemania)— presentó en *Nature* los resultados de la primera búsqueda sistemática de máquinas multiproteicas. Este equipo, dirigido por el italiano Giulio Superti-Furga, analizó de un golpe unos 1.400 genes (una tercera parte del genoma) de la levadura *Saccharomyces cerevisiae,* el hongo unicelular que los panaderos utilizan para hacer el pan, los cerveceros para hacer la cerveza, y los genetistas para hacer la pascua a sus colegas que estudian a otras especies eucariotas muchísimo más lentas y difíciles de manipular, como la mosca o el ser humano. El resultado fue una de las mayores sorpresas científicas de los últimos años: las 1.400 proteínas fabricadas por esos 1.400 genes no vagan en solitario por la célula, cada una aportando su pequeña cuota de *know how* a la empresa celular, sino que todas están formando parte de máquinas multiproteicas. Para ser exactos, las 1.400 proteínas analizadas por el equipo de Heidelberg constituyen 232 máquinas. La máquina más pequeña está formada por sólo dos proteínas. La más grande, por 83. Una máquina media está compuesta por 12 proteínas (no se moleste en dividir 1.400 por 232: no da 12, sino 6; veremos la razón dentro de dos párrafos).

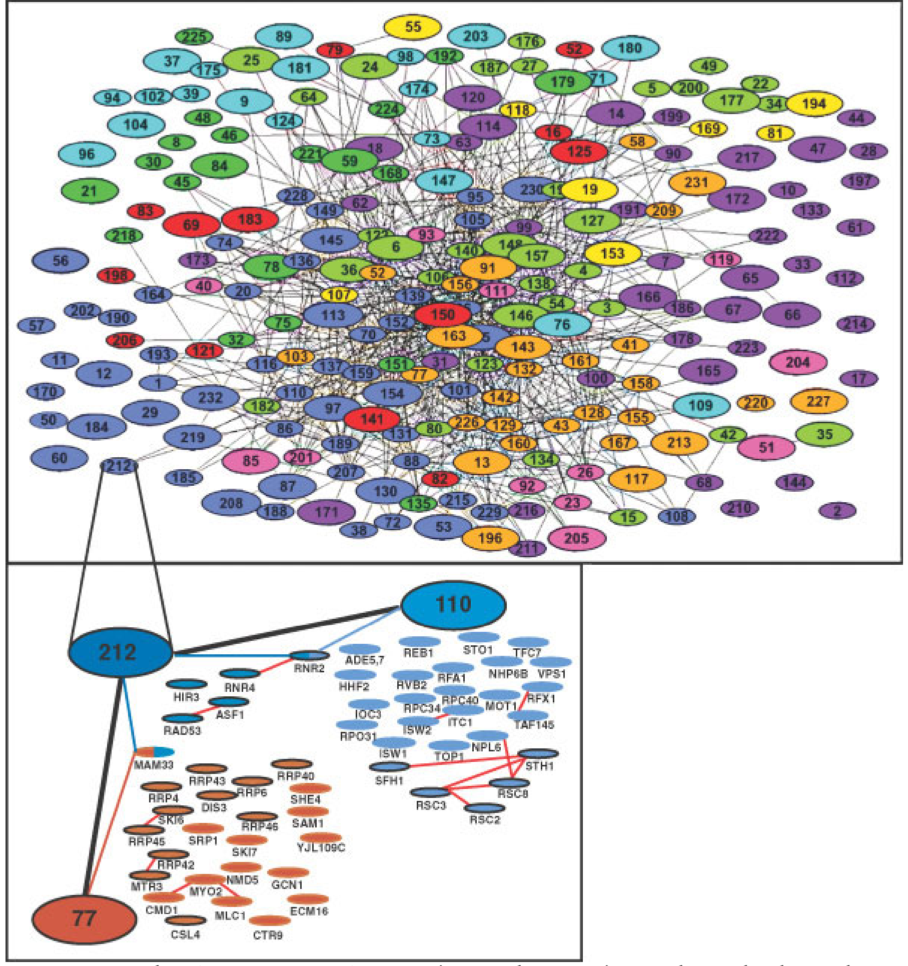


FIGURA 4.3: Malos tiempos para quienes creían que las proteínas andan Dolando por la sopa celular sin orden ni concierto. En el recuadro de abajo, cada elipse pequeña representa una proteína. Se ven dos *constelaciones,* y cada una representa una máquina (elipses grandes). Arriba se representan las 242 máquinas proteicas descubiertas en Heidelberg: cada línea representa una interacción estable entre dos máquinas (elipses). La maraña es inextricable porque casi todas las proteínas forman parte de máquinas complejas, que a su vez forman parte de grandes *factorías* celulares.

¿A qué se dedican estas máquinas? Según el amplio muestreo del equipo de Heidelberg, la mitad de las máquinas están implicadas en la manipulación y utilización del material genético: transcripción de los genes a ARN y estructura de la cromatina (24%), *splicing* y metabolismo del ARN (12%) y síntesis y retirada de proteínas (14%). (Subtotal: 50%). Otro 19% de las máquinas están dedicadas al metabolismo energético. Otro 9% a construir las membranas de la célula. Otro 9% a transmitir señales. Un 6% al ciclo celular que ordena el crecimiento y la división, y un 3% a dotar a la célula de estructura y polaridad. (GAVIN y colaboradores, 2002.)

Pero las redes de interacciones no se limitan a los componentes de una máquina. Hay numerosas proteínas que pertenecen a varias máquinas a la vez (por eso no le hubiera salido la división). En algunas ocasiones, esto refleja una interacción estable entre varias máquinas. Otras veces, esa interacción es sólo transitoria, dependiente de la fase del ciclo celular, las condiciones del entorno u otros factores. Cuando los científicos de Heidelberg representaron en un solo mapa todas estas interacciones, descubrieron un hecho inesperado más: la gran mayoría de las máquinas están asociadas entre sí, directa o indirectamente, a través de proteínas comunes (figura 4.3.) «En una primera aproximación, toda la célula es una sola máquina», en palabras de Cayetano González, investigador del EMBL.

A nadie sorprenderá a estas alturas saber que estas máquinas muestran un altísimo grado de universalidad en todas las células eucariotas. Los estudios en humanos son todavía muy preliminares, pero la mayoría de las máquinas identificadas en levaduras existen también en nuestra especie. No es que una proteína o dos estén conservadas entre la levadura y el ser humano: es que la máquina en su conjunto es esencialmente la misma en todas las especies eucariotas, aunque sólo la mitad (la cifra varía) de las proteínas individuales que la componen son las mismas. La evolución ha jugado con estas máquinas de alta precisión sustituyendo algunos componentes, pero respetando su estructura básica y la lógica de su funcionamiento. Según Luis Serrano, otro científico del laboratorio europeo de Heidelberg, cada proteína está implicada en tantas interacciones con las otras proteínas de la máquina, o con las proteínas de otras máquinas, que prácticamente no queda sitio disponible en la superficie de la proteína para añadir nuevos componentes. Pero siempre será posible *sustituir* un componente por otro.

La organización de la célula en máquinas altísimamente estructuradas supone una enorme restricción a los mecanismos evolutivos concebibles. En palabras de Superti-Furga: «Las levaduras y las células humanas comparten un altísimo número de máquinas similares, compuestas por proteínas relacionadas. Esto significa que, mientras cada proteína ha cambiado significativamente a través de mutaciones en el curso de la evolución, las células de las nuevas especies siguen construyendo los mismos tipos de máquinas, usando para ello los componentes alterados». Las graduales sustituciones de letras en el ADN. que van alterando poco a poco la secuencia de aminoácidos de una proteína —y que siempre han hecho las delicias de los darwinistas ortodoxos— parecen ahora menos relevantes que

nunca para la generación de novedad evolutiva. En el seno de una máquina multiproteica, las lentas variaciones neodarwinianas de una proteína no tienen más remedio que venir compensadas por alteraciones en la proteína de al lado, de modo que la interacción entre las dos proteínas se mantenga y la máquina no se deshaga en pedazos. Si todas las células eucariotas están basadas en máquinas multiproteicas complejas, ajustadas y engrasadas, y si esas máquinas son en gran medida las mismas en todas las especies animales, lo más probable es que la materia prima de la innovación evolutiva no sea el gen, en su constante fluir acumulativo de cambios de aminoácidos, sino la máquina en su conjunto, que puede ser reclutada como tal en un nuevo lugar, tiempo o situación, tal vez mediante la mera sustitución de uno de sus componentes.

Si la teoría de Margulis revelaba un punto débil con el problema del *splicing,* el descubrimiento de que la práctica totalidad de la célula es una macrofactoría compuesta de máquinas complejas y exquisitamente imbricadas multiplica el tamaño de ese punto débil. En concreto, lo multiplica por 232. ¿Fueron un centenar de esas máquinas aportadas a la simbiosis por la arquea, y otro centenar por la bacteria? ¿O cada una aportó unos cuantos componentes a cada máquina? ¿Tienen los procariotas máquinas de este tipo, o versiones más simples? Demasiadas preguntas otra vez.

Bien, dije que iba a mostrar que la teoría de Margulis era correcta, pero incompleta, y eso es lo que he hecho. Sigamos.

5

La verdad sobre el equilibrio puntuado

Quien quiera introducirse en el popular deporte del Tiro al Darwin no lo puede tener más fácil. Casi todos los argumentos antidarwinianos inteligentes están expuestos con admirable claridad en el capítulo VI de *El origen de las especies,* titulado «Dificultades de la teoría». Así introduce el autor su casi ácida autocrítica:

> Mucho antes de haber llegado a esta parte de mi trabajo, al lector se le habrán ocurrido multitud de dificultades. Algunas son tan graves que ni siquiera hoy puedo reflexionar sobre ellas sin sentir que me tambaleo; pero, hasta donde puedo juzgar, la mayor parte de ellas son sólo aparentes, y las que son reales no resultan, creo, fatales para mi teoría.

Darwin expone allí los problemas que le habían torturado durante más de veinte años, probablemente desde el mismo momento en que desembarcó del *Beagle* con su colección de especímenes y la mente hirviendo en pleno cambio de paradigma. ¿Cómo se llega a formar una especie (por ejemplo, un murciélago) a partir de otra que tiene una forma y unos hábitos completamente diferentes (por ejemplo, un mamífero terrestre)? ¿Cómo puede la misma fuerza, la selección natural, generar algo tan trivial como la cola de una jirafa, que no sirve más que para espantar moscas, y también el ojo del águila, «una estructura tan maravillosa que apenas podemos comprender enteramente su inimitable perfección»? ¿Cómo evolucionan instintos tan chocantes como el que permite a las abejas diseñar unas colmenas «que prácticamente han anticipado los descubrimientos de los matemáticos más profundos»? Y, sobre todo, su autocrítica favorita: ¿Por qué no vemos por todas partes las innumerables formas transitorias que la teoría predice entre una especie y otra? Si el león y

el tigre derivan de un ancestro común por selección natural, ¿dónde está toda la colección de gradaciones entre el ancestro y el león, por un lado, y entre el ancestro y el tigre, por otro? O, para expresarlo en la prosa del propio Darwin: «¿Por qué no está toda la naturaleza en confusión, en lugar de aparecer las especies como las vemos, bien definidas?».

Darwin tanteó varias soluciones parciales a esta última dificultad, que llegó a ser para él una lacerante obsesión. Conjeturó, por ejemplo, que las propiedades de una especie no dependen tanto del clima local —que a menudo cambia suave y gradualmente con la distancia— como de su interacción con las demás especies de la zona, que no tienen por qué formar ninguna clase de *continuum*. También sugirió que, aunque en un momento inicial pudiera muy bien haber existido una gradación completa, los dos extremos de ésta podrían, concebiblemente, haber acabado exterminando a todos los intermedios, aunque sólo fuera porque éstos estaban en inferioridad numérica. Darwin, sin embargo, sólo le daba una importancia relativa a esa clase de conjeturas. Intuía que podrían aplicarse a algunos casos concretos, pero sabía que no ofrecían una explicación general satisfactoria.

Un fenómeno tan extendido, por no decir universal, como la carencia de formas de transición debía quedar explicado por el mismo núcleo de su teoría de la evolución, no por algún que otro parche improvisado con mejores o peores reflejos. La única explicación que podía convencer a Darwin era la propia dinámica de la selección natural. Su teoría implicaba que las variantes iban surgiendo de forma continua, y reemplazando a sus propios ancestros cada vez que supusieran una mínima ventaja. Así pues, no se trata de que en algún momento pasado coexistieran todas las gradaciones y haya ahora que encontrar una razón para la desaparición de las intermedias. Es que, en el mismo momento en que aparece una nueva variante ligeramente ventajosa, la forma anterior resulta exterminada, y así sucesivamente:

> Si miramos a cada especie como derivada de alguna otra forma desconocida, tanto su [especie] progenitora como todas las variedades de transición habrán sido, en general, exterminadas por el propio proceso de formación y perfeccionamiento de la nueva forma.

Ésa era la única explicación que Darwin podía aceptar. Si no vemos las formas de transición es porque sus propios hijos se las han comido, por así decir. Se trata de una mera consecuencia del

mecanismo de la selección natural, y por lo tanto queda explicado que la distinción nítida entre las especies actualmente vivas sea un fenómeno prácticamente universal. Pero —ay— la explicación llegaba con una bomba escondida bajo el brazo. Si la razón de que las especies estén hoy bien definidas es que los intermediarios se extinguieron en el proceso, ¿por qué no aparecen esas formas de transición en el registro fósil? Darwin, por supuesto, reconoció este problema antes que nadie:

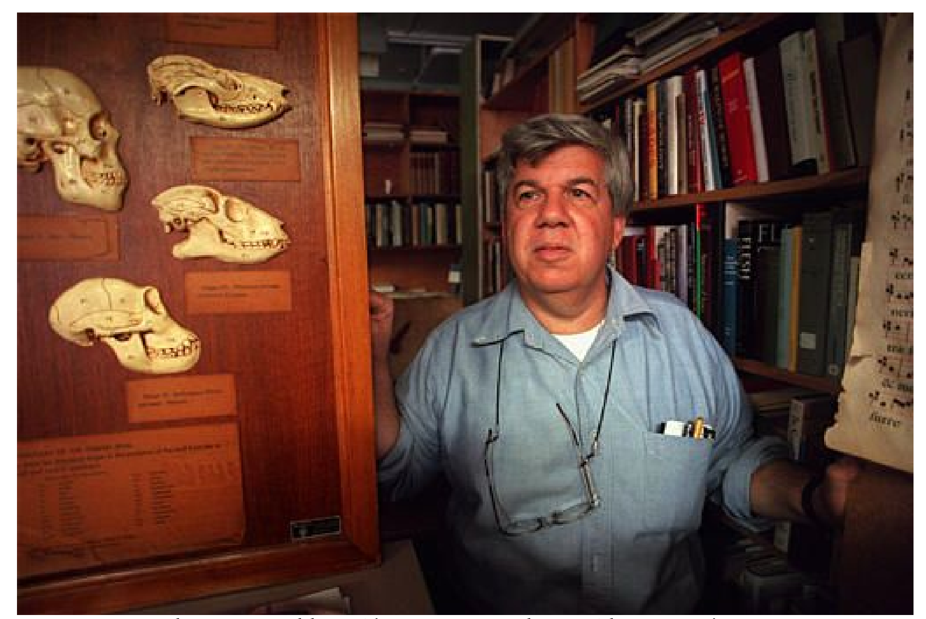
> Pero, precisamente en la medida en que este proceso de exterminio [de cada variante intermedia por su sucesora] ha actuado en una enorme escala, igual de enorme debe ser el número de variedades intermedias que han existido en el pasado de la Tierra. ¿Por qué, entonces, no está cada formación geológica y cada estrato repleto de tales eslabones intermedios? La geología, ciertamente, no revela ninguna cadena finamente graduada de ese tipo; y ésta, tal vez, es la objeción más grave y evidente que puede aducirse contra mi teoría. La explicación reside, según creo, en la extrema imperfección del registro geológico.

El argumento deja un regusto amargo. Para escapar de una avispa, Darwin se ve obligado a saltar a un lado del camino y… se cae en una zarza. Para colmo, a medida que pasaba el tiempo desde la publicación de *El origen de las especies,* las espinas de la zarza fueron creciendo (gradualmente, desde luego) hasta transformarse en cimitarras. El registro fósil es imperfecto, sí, pero tras un siglo de meticulosas excavaciones, repartidas por todo el mundo y ejecutadas con unas herramientas técnicas cada vez más perfeccionadas, un pequeño grupo de paleontólogos empezó en los años sesenta (del siglo XX) a pensar que las pesadillas de Darwin con la falta de formas intermedias estaban más que justificadas. Las evidencias del registro fósil no respondían en general a las predicciones del gradualismo darwiniano. Y, cuando un hecho bien establecido discrepa de una idea, la práctica científica usual no es ignorar el hecho —como habían venido haciendo los paleontólogos durante cien años—, sino reexaminar la idea. Uno de aquellos jóvenes rebeldes, Stephen Jay Gould, lo expresó así más tarde:

> [El problema de las especies en paleontología] se centraba en la dificultad de decidir dónde acababa la especie ancestral A y empezaba la especie descendiente B en esa transición gradual

> y continua. Sin embargo, mientras definían así la cuestión en sus escritos generales, todos los paleontólogos sabían que el mundo práctico de la recolección de fósiles raramente imponía tal dilema. La inmensa mayoría de las especies aparecen completamente formadas en el registro fósil y no cambian sustancialmente durante el largo periodo de su existencia posterior (que puede ser de 5 o 10 millones de años para los invertebrados marinos). (GOULD, 1991.)

Gould y su colega Niles Eldredge se atrevieron en 1972 a proclamar que el emperador estaba desnudo, y propusieron la teoría del «equilibrio puntuado» (Gould, por cierto, ha reconocido que fue él quien inventó ese nombre horrísono, pero que la mayor parte de las ideas provenían de Eldredge). El equilibrio puntuado no pretende, en principio, más que describir correctamente lo que muestran los estratos geológicos —que las especies son esencialmente estables y la mayoría de los cambios ocurren sólo cuando aparecen nuevas especies—, en lugar de distorsionar esas evidencias hasta hacerlas pasar por el embudo de los dictados teóricos.


FIGURA 5.1: Stephen Jay Gould murió en mayo pasado. Sus ideas y teorías, no.

El 20 de mayo de 2002, cuando este libro estaba a punto de entrar en la imprenta, Gould murió de cáncer en Nueva York a los 60 años de edad. Lo que queda de este capítulo, sin embargo, y aunque pueda parecer una especie de epitafio científico, estaba ya escrito antes de

esa fecha, y me he limitado a poner los tiempos verbales en el deprimente pretérito que ahora les corresponde. Gould era uno de esos infrecuentes científicos creativos que se mueven continuamente al borde del precipicio. Si algo le ponía en marcha era detectar una idea preconcebida que todos sus colegas daban por sentada de forma acrítica o irreflexiva. Cuando creía haber identificado una, desplegaba una apabullante artillería pesada y se hartaba de repartir bombazos silogísticos a diestro y siniestro. La jerarquía de la biología evolutiva, conservadora como es de rigor, se replegaba entonces a los refugios de invierno para aguantar el chaparrón, analizaba con lupa la metralla y reemergía con las uñas mejor afiladas. ¿No estaría cayendo Gould en una u otra clase de herejía pseudomística? ¿No estaría cargando los depósitos del creacionismo con un queroseno altamente inflamable, aun cuando no acabara de decidirse a prender la cerilla? ¿No reflejarían sus propuestas científicas una inconfesable servidumbre a Dios sabe qué prejuicio religioso o convicción política? Cuando esto ocurría, Gould rebufaba y aseguraba a todo el que quisiera oírle —sus lectores son numerosos, tanto dentro como fuera de la biología profesional— que había sido malinterpretado por la ortodoxia, y que lo que él quería decir era, si bien se miraba, perfectamente encajable en el darwinismo de pura cepa. Pero entonces, le decían los jerarcas, ¿dónde está la novedad? Y allá que iba Gould a enseñarles dónde estaba la novedad, y vuelta a empezar. La historia se repitió con los varios ataques artilleros de Gould contra los excesos del adaptacionismo, contra la fe en el gradualismo o contra el prejuicio del progreso en la historia natural, por citar tres de sus blancos favoritos.

La teoría del equilibrio puntuado ha seguido exactamente estos meandros durante los últimos treinta años, hasta el extremo de que averiguar qué es exactamente lo que propone ese modelo requiere en la actualidad un espíritu analítico bastante perseverante. Pero ese historial sinuoso no garantiza la exactitud de la sentencia, dictada por la recompuesta ortodoxia, de que el equilibrio puntuado no es más que una hebra de humo imaginaria metida en el ojo del darwinismo. Lean el dictamen de la jerarquía en la cortante pluma de su portavoz oficial Richard Dawkins:

> Lo que debe decirse, alto y claro, es la verdad: que la teoría del equilibrio puntuado reposa firmemente en la síntesis neodarwiniana. Siempre lo hizo. Llevará tiempo deshacer el daño infligido por la inflada retórica [de Gould], pero se deshará. (DAWKINS, 1986.)

Amén. «Sin embargo se mueve», dan ganas de susurrarle a nuestro perro. Intentemos abrirnos camino entre la inflada retórica de Gould y la verdad revelada de Dawkins. Como no somos ningún jurado de un premio de poesía, podemos permitirnos examinar qué hay de interés científico en esta batalla campal que, mal que les pese a los amantes de la ley y el orden, ya va durando tres décadas y sigue sin estar resuelta satisfactoriamente.

Eldredge y Gould se rebelaron en 1972 contra la ceguera selectiva de sus ortodoxos colegas, pero no se puede decir que su teoría del equilibrio puntuado encarnara ninguna clase de llamada a las armas. Los autores sostenían que las especies eran estables salvo en las crisis (puntuaciones), pero se apresuraban a añadir que eso, y no la gradación morfológica, era exactamente lo que cabía esperar en el registro fósil según la síntesis neodarwinista. Su intención no era derrocar a Darwin, sino exactamente la contraria: mostrar que la pesadilla de Darwin con la falta de formas intermedias estaba injustificada. Eldredge y Gould se apoyaron explícitamente en un modelo de especiación (generación de nuevas especies) llamado *alopátrico,* formulado por uno de los más brillantes teóricos sintéticos, el matemático Sewall Wright, y desarrollado por el ornitólogo Ernst Mayr, uno de los evolucionistas contemporáneos más prestigiosos. Según el modelo alopátrico, las nuevas especies no se forman por la transformación gradual de una especie ancestral entera. Lo que ocurre es que un pequeño grupo que vive en la periferia de la gran población queda aislado por algún accidente geográfico. Como simple consecuencia de su tamaño, un grupo pequeño posee propiedades estadísticas peculiares que le hacen proclive al cambio rápido. Por ejemplo, una variante favorable puede imponerse mucho más de prisa de lo que lo haría en una población grande, en la que cualquier innovación tiende a diluirse. Incluso una variante que no suponga ninguna ventaja puede imponerse en un pequeño grupo con cierta facilidad, debido al mero *error de muestreo*, es decir, a que el grupo pequeño no contiene inicialmente una muestra representativa de todas las variantes existentes en la población grande.

Aclaremos que lo que Eldredge y Gould entienden por especiación rápida es un proceso que muy bien puede durar 10.000 años o más: un pestañeo en las escalas de los geólogos, pero tiempo suficiente —así lo subrayaron los autores— para que opere la selección natural convencional. Así, sin proponer nada muy extraño, sin más que tensar al límite los ritmos del darwinismo más ortodoxo, el equilibrio puntuado podría explicar la falta de transiciones que tanto había torturado a Darwin: la selección natural, con todas sus gradaciones y

sus formas intermedias, ocurría realmente, pero en una zona tan pequeña y en un tiempo tan (geológicamente) corto que no dejaba su huella fósil en los estratos. Una vez formada la nueva especie en su retiro alopátrico, siempre es posible que se vuelva a diseminar por una zona geográfica amplia, pero para entonces es lo suficientemente distinta de la antigua especie como para que los apareamientos cruzados resulten imposibles, o al menos produzcan sólo descendencia estéril. Si esto ocurre, es posible que la nueva especie reemplace por completo a la antigua y luego permanezca estable durante 5 o 10 millones de años. Sólo en ese caso quedará inmortalizada en el registro fósil. Y los estratos geológicos serán exactamente como los vemos: la especie parece surgir bruscamente, ya plenamente formada, y su morfología permanece constante mientras dura su existencia.

Visto de esta forma, el equilibrio puntuado dista mucho de ser la bestia parda antidarwinista en que han querido convertirlo sus críticos. La teoría restringe el cambio evolutivo a los infrecuentes acontecimientos de generación de nuevas especies, pero se apoya para ello en los modelos de especiación de Sewall Wright y Ernst Mayr, dos socios fundadores de la teoría sintética. Lo que ocurre durante esos raros eventos de especiación sigue el más estricto de los guiones darwinistas: selección natural, cierto que acelerada, y tal vez ayudada por fenómenos estadísticos como el error de muestreo y la deriva genética, pero nada que honradamente pudiera merecer la excomunión.

¿Qué pasó entonces? Que a lo largo de la década de los setenta Gould —ya sin la connivencia de Eldredge— fue perdiendo la fe en la selección natural y el poder creativo de la adaptación al entorno. La razón no tenía mucho que ver con las apariencias del registro fósil, sino más bien con la progresiva inmersión del científico en los viejos textos de la *Naturphilosophie,* la gran tradición de la biología alemana decimonónica, que siempre evitó distraerse con las variaciones superficiales de los individuos y los linajes, más o menos favorecidas por las presiones del medio, para concentrarse en el *bauplan* o plan básico de diseño que caracteriza no ya a una especie, sino a clases completas de mayor entidad jerárquica *(phyla)* que agrupan a un gran número de especies. Un plan básico que, para la *Naturphilosophie,* constituía el verdadero secreto de la forma y el funcionamiento de los seres vivos, y sobre el que las adaptaciones amasadas gradualmente por la selección natural no eran más que matices de escasa relevancia.

Uno de los efectos de la incursión de Gould por los territorios de la morfología alemana fue su deslumbrante y valeroso libro *Ontogenia y filogenia,* de 1977, donde rescató del naufragio parte de la denostada

teoría de la recapitulación de Haeckel, que sostuvo hace más de un siglo que el desarrollo embrionario de un organismo (la ontogenia) reproducía la historia evolutiva de su especie (la filogenia). Y otro de los efectos fue que Gould empezó a conceder más importancia evolutiva a los supuestos motores internos del cambio, a las tendencias o inestabilidades intrínsecas del *bauplan,* a los efectos en cascada de cualquier pequeño ajuste en las reglas básicas del desarrollo embrionario, que a los meticulosos y superficiales oficios de la selección natural darwiniana.

Pero entonces, si la selección natural había bajado un pie del trono, ¿no habría una interpretación más radical del equilibrio puntuado? ¿No habría sido demasiado tímido en el artículo que firmó con Eldredge en 1972? Gould decidió que así era, y hacia 1980 dejó de tratar al equilibrio puntuado como una explicación ortodoxa de la desconcertante estabilidad de los fósiles para pasar a presentarlo como un verdadero argumento contra el darwinismo. El siguiente extracto es de un artículo que Gould publicó en 1980 en la revista profesional *Paleobiology,* desempolvado gracias al celo documental del filósofo Daniel Dennett:

> La especiación no es siempre una extensión de la sustitución alélica gradual y adaptativa hasta obtener un efecto mayor, sino que puede representar, como argumentó Goldschmidt, un estilo diferente de cambio genético: la reorganización rápida del genoma, quizá no adaptativa. [… En este tipo de especiación brusca] el aislamiento reproductivo llega primero y no puede considerarse una adaptación en absoluto. Podemos, de hecho, invertir la percepción convencional y argumentar que la especiación, mediante la formación estocástica de nuevas entidades, aporta la materia prima de la selección. (GOULD, 1980.)

Por si a alguien le queda alguna duda de las revolucionarias intenciones del Gould de 1980, baste mencionar que el título del artículo técnico recién citado es «¿Está emergiendo una nueva teoría general de la evolución?». Ni más ni menos. Pero un momento, ¿quién es ese Goldschmidt que aparece en el texto? ¿No será el maestro de herejes Richard Goldschmidt, el descarriado evolucionista alemán que propuso en 1940, en un infame opúsculo titulado *La base material de la evolución,* la pecaminosa teoría de la macromutación, según la cual las nuevas especies se formaban mediante grandes saltos repentinos que nada tenían que ver con el gradualismo darwiniano? Pues en efecto,

ése era el Goldschmidt mencionado por Gould. ¡Satanás! Aquello ya pasaba de castaño oscuro.

Ahora se entiende mejor que el equilibrio puntuado, versión dos punto cero, enfureciera sobremanera a la ortodoxia darwinista. «Podríamos decir que “agrio” es el calificativo más suave para el tono de los comentarios que los darwinistas más significados han hecho sobre el equilibrio puntuado», ha escrito con exquisita diplomacia británica el filósofo de la evolución Michael Ruse. Aplicando una descriptiva más mediterránea, podríamos tipificar los hechos como un descuartizamiento intelectual sin fisuras. Para colmo, los creacionistas enmarcaron el artículo de Gould en sus capillas y proclamaron a los cuatro vientos la muerte del darwinismo a manos de uno de sus más célebres pensadores contemporáneos. Gould, atrapado entre el fuego amigo y la plegaria enemiga, acabó por asustarse. En 1982, sólo dos años después de haber anunciado el despuntar de una «nueva teoría general de la evolución», se replegó a posiciones más aceptables. Declaró explícitamente que «el equilibrio puntuado no es una teoría de la macromutación» y no volvió a hablar en público de reorganizaciones rápidas del genoma ni de estilos diferentes de cambio genético ni, por supuesto, del maldito Goldschmidt. «Nuestra teoría», aseguró después con la contundencia del humillado, «no se vincula a ningún mecanismo nuevo ni violento, sino que sólo representa la elección de la escala correcta para situar los sucesos ordinarios en la vastedad del tiempo geológico».



FIGURA 5.2: El maestro de herejes Richard Goldschmidt, creador del *monstruo esperanzado*.

Henos aquí de vuelta a la versión uno punto cero del equilibrio puntuado. Sólo que esta vez, con tanto énfasis conciliador en que todo es ortodoxia bajo el sol. Gould se lo puso en bandeja a la irritada jerarquía, que, como hemos visto hace un par de páginas, se apresuró a proclamar «la verdad: que la teoría del equilibrio puntuado reposa firmemente en la síntesis neodarwiniana». Varios evolucionistas empezaron también entonces a advertir de que las opiniones expresadas por Gould en sus ensayos divulgativos no reflejaban en modo alguno los puntos de vista de la comunidad científica. Veamos un ejemplo del ortodoxo John Maynard Smith:

> Gould ocupa una posición bastante curiosa, sobre todo a este lado del Atlántico [el lado americano]. Dada la excelencia de sus ensayos (para el lector general), ha acabado siendo considerado por los no biólogos como el teórico evolucionista

> más destacado. Por el contrario, los biólogos evolucionistas con quienes he hablado de su obra tienden a verle como un hombre cuyas ideas son tan confusas que apenas merece la pena preocuparse por ellas, pero también se le considera un hombre que no debería ser criticado públicamente porque, al menos, está de nuestra parte frente a los creacionistas. Todo esto carecería de importancia si no fuera porque está dando a los no biólogos una imagen en gran medida falsa del estado de la biología evolutiva. (RUSE 2001.)

En efecto, Gould «al menos» está de parte de Maynard Smith frente a los creacionistas, y fue uno de los principales testigos a favor de la enseñanza de la evolución durante el célebre juicio de Arkansas, un estado norteamericano que pretendía en 1980 impartir en sus escuelas el mensaje literal de la Biblia en pie de igualdad con el darwinismo. De hecho, Gould se pasó la mitad del juicio de Arkansas explicando al tribunal que lo que él había dicho no era lo que los creacionistas decían que había dicho. En el terreno estrictamente científico, sin embargo, Gould no está en absoluto de parte de Maynard Smith, a quien ha llamado públicamente «fundamentalista darwiniano», «fanático adaptacionista» y víctima de un «fervor ultradarwinista apocalíptico». Y eso que ambos fueron en la juventud marxistas y buenos amigos.

El británico Simon Conway Morris, tal vez el mejor especialista contemporáneo en la evolución temprana de los animales, y un científico elevado por el propio Gould a unos altares revolucionarios a los que él nunca solicitó encaramarse, ha admitido, pese a todo lo anterior:

> Los puntos de vista de Gould han ayudado mucho a sacudir las ortodoxias establecidas, incluso si, cuando el polvo se ha posado, el edificio de la teoría evolutiva no parece muy cambiado. (CONWAY MORRIS, 1991.)

¿Qué nos queda después de esta travesía? ¿Nada, como dice Dawkins? ¿Una inextricable confusión, como denuncia Maynard Smith? ¿Una aburridísima polémica sobre los ritmos relativos del cambio morfológico, como sostienen casi todos los demás ortodoxos? Es evidente que yo creo que queda mucho más que todo eso. De otro modo no les hubiera mareado a ustedes con tanto meandro. Pero

esperen, no me denuncien todavía a la policía gradualista: yo no sé si el Gould incendiario de 1980 estaba en el camino correcto o no. Lo que sí sé es que aquellas ideas no fueron propiamente refutadas. Simplemente fueron aplastadas, que es muy distinto. Y más aún: creo que, si algo ha habido de confuso en la larga y encomiable trayectoria científica de Gould, no son sus propuestas innovadoras, que por muy discutibles o extravagantes que puedan resultar a ciertos oídos, siempre están expresadas con una encomiable claridad. El episodio más confuso que nos ha regalado Gould es precisamente su retirada forzosa y balbuceante, en 1982, a los cuarteles de la ortodoxia. Una retirada, creo, más aparente que real.

Para ver qué nos queda hoy del equilibrio puntuado, debemos distinguir nítidamente su componente teórica, relativa a los mecanismos evolutivos hipotéticos (ora la ortodoxa especiación alopátrica, ora la impronunciable reorganización genómica) de su componente empírica, que pretende ser una mera descripción de las pautas temporales del cambio en el registro fósil. Empecemos por lo segundo. Uno de los discípulos del teórico sintético Dobzhansky, Francisco J. Ayala, ha escrito recientemente:

> Estudios detallados en depósitos abundantes de fósiles favorecen en unos casos al gradualismo y en otros al equilibrio puntuado. Pero la polémica no es sobre si sólo uno o el otro patrón ocurre, sino sobre su frecuencia relativa. Algunos paleontólogos argumentan que la evolución morfológica es en la mayor parte de los casos gradual y otros piensan exactamente lo contrario. […] Se trata de una polémica que, al fin y al cabo, no tiene mucha enjundia, aun cuando ha recibido bastante atención en los medios de opinión pública. (AYALA, 2000.)

Y ahora demos la palabra al *otro* autor del equilibrio puntuado, Niles Eldredge, un científico aplicado al que nadie cuestiona, un paleontólogo de corte conservador que nunca acompañó a Gould en sus incursiones revolucionarias, y un darwinista plenamente ortodoxo por cuanto siempre fue, y sigue siendo, un firme creyente en el poder omnímodo e indisputado de la selección natural y la adaptación al entorno. En 1995, sabiendo ya muy bien a lo que se exponía si se le escapaba una coma, Eldredge escribió:

> La evolución no transforma las especies de modo inevitable e irrevocable mientras persisten a lo largo del tiempo geológico.

> Por el contrario, lo más frecuente es que las especies parezcan no ir a ninguna parte, evolutivamente hablando. […] La *estasis* [la estabilidad de las especies a lo largo de toda su existencia] está ahora abundantemente documentada como el patrón paleontológico predominante en la historia evolutiva de las especies. […] El escaso cambio progresivo de cada especie que vemos en el registro fósil es, sencillamente, demasiado lento para dar cuenta de los grandes cambios adaptativos logrados por la evolución.
>
> […] La historia evolutiva afirma que, lejos de ser inevitable, el cambio adaptativo no sobreviene con el mero paso del tiempo, sino que parece estar concentrado en tiempos y lugares particulares en la historia de todos los linajes. El cambio adaptativo parece ocurrir sobre todo como acontecimientos discretos en la historia de la evolución. (ELDREDGE, 1995.)

Nada, según Dawkins. Mitad y mitad, según Ayala. Más de la mitad, según Eldredge. Por lo que a mí respecta, no creo que sea necesario esperar otros treinta años para conocer el segundo decimal del recuento estadístico. Podemos dar por sentado sin riesgo que, después de todo, una parte muy considerable —tal vez mayoritaria, pero da igual— de las especies del registro fósil aparecen ya plenamente formadas en los estratos y «no parecen ir a ninguna parte» durante los varios millones de años que permanecen en el escenario. En el porcentaje de casos en que las especies sí varían —sea ese porcentaje la mitad o menos de la mitad, da igual—, el cambio progresivo es «demasiado lento para dar cuenta de los grandes cambios adaptativos logrados por la evolución». Pues bien, esto un hecho y demanda a voces una explicación, porque no hay nada, ni en el darwinismo ni en el neodarwinismo, que hubiera predicho esa extraña pauta. ¿Cómo se nos puede pedir que miremos hacia otro lado porque la discusión sobre las frecuencias relativas es aburrida? O, como dice el de Oxford: «Llevará tiempo deshacer el daño infligido por la inflada retórica, pero se deshará». Por favor, que esto no es un cursillo prematrimonial en una parroquia de barrio. La evolución es una ciencia como cualquier otra, pese a los iluminados esfuerzos de sus predicadores por convertirla en una catequesis.

Bien. ¿Qué podemos decir de la otra componente del equilibrio puntuado, la parte hipotética relativa a los mecanismos evolutivos? Eldredge, al igual que Dawkins y muchos otros, cree que no hace falta más explicación que la selección natural. Es posible que así sea, pero esto implicaría dos cosas.

Primero, que la causa prácticamente única del cambio adaptativo —es decir, la razón de que existan ojos, alas y cerebros— es la especiación alopátrica ideada por el matemático Sewall Wright. Puesto de otra forma: la apabullante complejidad de diseño de los ojos, las alas y los cerebros se debe, casi exclusivamente, a que de vez en cuando un pequeño grupo de individuos se queda aislado de su población matriz y, gracias a ello, ve facilitada la alteración gradual de sus frecuencias alélicas. Si los ortodoxos piensan realmente esto, deberían enmarcar las ecuaciones de Sewall Wright en una hornacina.

Y segundo, que las vastas extensiones de tiempo sobre las que el gradualismo carga la responsabilidad de la evolución no son, después de todo, tan vastas. Si cada especie dura varios millones de años, y si casi todo el cambio ocurre en unas decenas de miles de años, el *tiempo eficaz* disponible para toda la evolución en la Tierra debe recortarse entre cien y mil veces: ya no son 4.000 millones de años, sino entre 40 y 400 millones de años. El *tiempo eficaz* para toda la evolución animal, desde la aparición del primer gusano rastrero hasta el primer pintor rupestre, podría llegar a contraerse hasta… ¡600.000 años! Ese tiempo, les recuerdo, es más o menos el que ha transcurrido desde los preneandertales de Atapuerca hasta nuestros días. Si viviéramos en el siglo XIX, podríamos decir con el nefasto Lord Kelvin: «La Física dice no a la evolución», y Darwin saldría corriendo a desempolvar sus modelos lamarckistas. Pero en fin, ninguno de estos dos puntos supone una refutación del neodarwinismo. Simplemente son dos cuestiones de énfasis que —seguramente a causa de mi torpeza— no suelo ver subrayadas en los textos sagrados de la teoría sintética.

Que la selección natural pueda explicar sin ninguna ayuda las observaciones del equilibrio puntuado no es un hecho: es una creencia. Gould consideró que se precisaba otro mecanismo más rápido de especiación —lo que es otra creencia—, y propuso «un estilo diferente de cambio genético», tal vez «la reorganización rápida del genoma». Cuando el *establishment* se le echó encima, Gould, que nunca fue un buen genetista, pensó que su talón de Aquiles eran esas vagas propuestas sobre cambios genómicos, y las retiró para limitar daños. Pero siguió plenamente convencido de la necesidad de un mecanismo genético más rápido que la selección natural. Y de hecho, ya después de su aparente arrepentimiento público, propuso uno que imaginaba más tragable:

> No es probable que los darwinistas, con sus tradicionales preferencias por el gradualismo y la continuidad, canten alabanzas a los grandes cambios fenotípicos [cambios de forma

> o de cualquier otra característica externa] inducidos rápidamente por pequeños cambios genéticos que afectan al desarrollo temprano; pero nada en la teoría darwiniana prohíbe esos sucesos, puesto que persiste en ellos la continuidad subyacente de los pequeños cambios genéticos.

¿Lo ven? Gould pensó que la ira ortodoxa no se debía a su propuesta de cambios externos (fenotípicos) grandes y rápidos, sino a su propuesta de cambios *genéticos* grandes y rápidos. Así que se apresuró a borrar del mapa las famosas «reorganizaciones genómicas» y se buscó otro modo, genéticamente gradual pero externamente brusco, de seguir en sus trece. Nadie consideró inaceptable esta nueva propuesta. Y, sin embargo, para ser coherentes, los ortodoxos deberían haberla quemado en la misma hoguera que la anterior. Porque al darwinismo le debería dar igual la naturaleza gradual o brusca del cambio genético. Lo que precisa el darwinismo es gradualismo en las cualidades externas, de manera que se genere en la población una gama continua de formas y propiedades sobre la que pueda actuar la selección natural. Si es preciso partir el genoma en mil pedazos para que a un tigre le crezcan los dientes medio milímetro, hágase: eso es darwinismo puro. Pero si una mutación ínfima en un solo gen crea de pronto un tigre con dos alas y ocho patas, eso no es darwinismo ni en pintura, por mucha continuidad genética que tengamos ahí. La retirada de Gould no tiene ningún sentido. Es sólo timidez genética. Si alguien cree haber refutado a Gould (versión revolucionaria 1980, o dos punto cero) por el hecho de que éste haya renunciado a las sacrílegas reorganizaciones genómicas rápidas, ese alguien está en un completo error. Insisto: Gould no ha sido refutado científicamente. Sólo ha sido aplastado académicamente. «Llevará tiempo deshacer el daño infligido por la inflada retórica, pero se deshará». Y con tu espíritu.

Lo más paradójico de todo este sinsentido es que, si bien en los primeros años ochenta el asunto de la pequeña-mutación-embrionaria-que-afecta-mucho-al-adulto parecía mucho más factible, como mecanismo evolutivo rápido, que las reorganizaciones genómicas, hoy ya no está claro que sea así. Como veremos, hay mutaciones pequeñas que tienen enormes efectos morfológicos, ciertamente, pero la ortodoxia se empeña en rechazarlas como mecanismo evolutivo porque sus portadores suelen revelar una escasa salud y viabilidad. Y, sin embargo, hasta el más recalcitrante de los ortodoxos debería admitir hoy que el genoma en su conjunto es muchísimo más plástico de lo que se creía hace sólo veinte años. Ningún genetista solvente

considera hoy que la alteración simultánea de muchas partes del genoma sea una herejía ni una idea descabellada, aunque nadie haya demostrado un caso de especiación que haya ocurrido de esa forma (ni de ninguna otra). La cuestión de si hay o no mecanismos que puedan causar cambios genómicos rápidos, no graduales, está abierta por completo. Abierta científicamente, se entiende. El fundamentalismo ya cerró esa cuestión hace mucho.

Sólo un par de meses antes de morir, y seguramente sabiendo ya que sus días se agotaban, Gould publicó la obra técnica más importante de su carrera: *The Structure of Evolutionary Theory,* un libro de 1.433 páginas en el que formaliza su revisión de la teoría de Darwin. Si se me perdona la brutalidad de resumir esa ingente compilación de una vida intelectual en este solo párrafo, diré que la versión definitiva de la revolución de Gould se basa en dos grandes argumentos. Primero, que la selección natural no es sólo una criba continua entre los levemente distintos individuos de cada especie, sino sobre todo un concurso de méritos *entre especies,* generalmente con resultados nefastos para una de ellas. Y segundo, que los graduales oficios del entorno cambiante —la adaptación progresiva y *dirigida* desde fuera— son menos relevantes que las variaciones, a menudo drásticas, que imponen *desde dentro* la dinámica intrínseca de los genomas y la lógica genética profunda de la construcción de un ser vivo. *The Structure of Evolutionary Theory* es una obra magnífica, digna de uno de los grandes pensadores científicos del siglo XX, y cabe esperar que guíe a la oxidada teoría darwinista por un camino seguro para instalarla de una vez por todas en el siglo XXI.

Sólo una cosa más. A Lynn Margulis, por supuesto, le gusta el equilibrio puntuado mucho más que a los darwinistas ortodoxos, y no precisamente porque le entusiasme la especiación alopátrica de Sewall Wright. Margulis ha escrito recientemente:

> Eldredge y Gould argumentan que el registro fósil muestra que la evolución es estática la mayor parte del tiempo y procede de repente: el cambio rápido en las poblaciones de fósiles ocurre en breves lapsos de tiempo; la estasis prevalece luego durante largos periodos. Desde la perspectiva del tiempo geológico, las simbiosis son como reflejos de relámpagos evolutivos. Para mí, la simbiosis como fuente de novedad evolutiva ayuda a explicar la observación del «equilibrio puntuado», de las discontinuidades en el registro fósil. (MARGULIS, 1998.)

La experiencia de Margulis con uno de los autores de la teoría, sin embargo, ha sido más bien nefasta, por no decir cómica. La propia científica lo cuenta con buen talante:

> Una vez pregunté al elocuente y atractivo paleontólogo Niles Eldredge si sabía de algún caso en que la formación de una nueva especie hubiera sido documentada. Le dije que me daría por satisfecha si extraía el ejemplo del laboratorio, del campo o de las observaciones del registro fósil. Sólo pudo ofrecer un buen ejemplo: los experimentos de Theodosius Dobzhansky con *Drosophila*, la mosca del vinagre. En este fascinante experimento, unas poblaciones de moscas criadas a temperaturas progresivamente más altas llegaron a separarse genéticamente [de su especie progenitora]. Después de dos años o así, las moscas criadas con calor no podían ya producir descendencia fértil al cruzarse con sus hermanas criadas en frío. «Pero», se apresuró a añadir Eldredge, «el hecho resultó tener que ver con no sé qué parásito». (MARGULIS, 1998.)

Hay que imaginarse la cara que pondría Margulis al ver la facilidad con que Eldredge se deshacía del asunto con esa despectiva sentencia. La científica que ha propuesto que la simbiosis es el principal mecanismo de formación de nuevas especies pide a un evolucionista más convencional que le dé algunos ejemplos concretos de especiación, el interrogado sólo es capaz de mencionar uno y… ¡lo descarta por irrelevante debido a que se trata de un caso flagrante de simbiosis! Vivir para ver. Para ser más exactos, el resultado de Dobzhansky se debió, por así decir, a una simbiosis inversa: las moscas criadas a alta temperatura habían perdido una bacteria simbiótica que normalmente vive dentro de las células de las moscas crecidas a temperatura normal. La anécdota de Margulis y Eldredge, en cualquier caso, es muy reveladora. Si no sobre los mecanismos de la evolución, sí al menos sobre la fuerza abrumadora del prejuicio.

6

La explosión cámbrica no era esto

Acabamos de ver que la falta generalizada de formas de transición en el registro fósil fue una de las principales pesadillas de Darwin —la gran dificultad que le hacía «tambalearse» cada vez que pensaba en ella—, y sigue siendo una cuestión difícil de asimilar por la ortodoxia contemporánea. Pero hay un caso particular de este problema que, seguramente, merece el lugar de honor entre todos los enigmas no ya de la teoría de la selección natural ni de la ortodoxia gradualista, sino del universo de la biología en su conjunto. El gran paleontólogo J. William Schopf lo ha denominado con acierto «el dilema de Darwin». Una vez más, fue el propio autor de *El origen de las especies* quien llamó la atención sobre esta paradoja:

> Hay otra dificultad que es mucho más grave. Me refiero a la manera en que las especies que pertenecen a varias de las principales divisiones del reino animal aparecen repentinamente en las rocas fosilíferas más bajas que se conocen [los estratos de la era Cámbrica]. […] Si mi teoría es cierta, es indisputable que antes de que el estrato cámbrico más bajo se depositara, hubieron de transcurrir largos periodos […], y que durante esos vastos periodos el mundo debió bullir con criaturas vivas. […] A la cuestión de por qué no encontramos abundantes depósitos fosilíferos correspondientes a esos supuestos largos periodos anteriores al sistema Cámbrico, no puedo dar una respuesta satisfactoria. En el momento presente, el caso ha de permanecer inexplicable; y puede aducírsele realmente como un argumento válido contra las nociones sostenidas aquí.

La situación, en realidad, ha resultado no ser tan grave como temía

el gran científico británico. Aunque todavía en 1950 el «dilema de Darwin» seguía exactamente en el mismo sitio en que lo dejó el fundador de la biología moderna, los cruciales descubrimientos paleontológicos de la segunda mitad del siglo XX, y en particular los del citado J. William Schopf, han disipado buena parte del enigma. Los fósiles más antiguos conocidos a los que se refería Darwin pertenecen al periodo Cámbrico. De hecho, la aparición de esos primeros rastros de la vida animal en los estratos es precisamente lo que define ese periodo geológico, que comenzó hace 543 millones de años y da origen a la era llamada Paleozoica, o «de los animales antiguos». Pero la Tierra, tal y como hubiera deseado el autor del *Origen,* es muchísimo más antigua que todo eso. Hoy sabemos que nuestro planeta tiene cerca de 4.500 millones de años, más de ocho veces el tiempo transcurrido desde el inicio del Cámbrico hasta nuestros días. Y, tal como Darwin predijo, durante esos vastos periodos anteriores al Cámbrico «el mundo bullía con criaturas vivas», en concreto con vastas cantidades de los más diversos microbios unicelulares. Ojalá el gran Darwin hubiera podido saber todo esto, en lugar de tener que limitarse a desearlo.

Pero esto no zanja el asunto, ni mucho menos. Schopf y sus colegas merecen todos los honores por su descubrimiento, basado en una tenacidad casi heroica, de los fósiles microbianos precámbricos, pero llamar a esto la «solución al dilema darwiniano», como ha hecho el propio Schopf en un reciente artículo científico (SCHOPF, 2000), revela un optimismo rayano en el candor. Un optimismo compartido, como veremos más adelante, por los infatigables guardianes de la ortodoxia gradualista.

La aparición relativamente súbita, hacia el principio del Cámbrico —hace unos 530 millones de años—, de casi todos los *bauplanes* (planes generales de diseño animal) que existen o han existido sobre la Tierra sigue siendo un profundo misterio, por más que el planeta estuviera hiperpoblado de microbios durante al menos los 3.000 millones de años anteriores. El fenómeno es tan extraordinario que hasta en la más sobria literatura técnica recibe un nombre que parece ideado por un creativo publicitario: la explosión cámbrica.

En los estratos geológicos de todo el mundo, esa transición súbita en las rocas ha definido tradicionalmente el origen exacto del periodo Cámbrico. Hasta hace pocos años, por debajo de esa línea sólo se habían hallado fósiles de microbios unicelulares, y por encima bullían de pronto los animales en toda su caprichosa y mareante variedad. Aunque la pesadilla de Darwin hubiera sido aliviada en parte por Schopf y sus fósiles unicelulares, la explosión cámbrica parecía ahora,

en cierto modo, un misterio científico aún más profundo que en el siglo XIX, porque al fin y al cabo Darwin albergaba la razonable esperanza de que ese salto estratigráfico, al igual que las demás discontinuidades geológicas, no fuera más que una ilusión óptica provocada por una monumental imperfección del registro fósil. Y no es así. Debemos precisamente a Schopf y sus colegas la certeza de que el registro fósil anterior al Cámbrico, una vez explorado con habilidad y sutileza técnica, tiene muy poco de imperfecto. Si se piensa bien, lo realmente chocante es su perfección: esos venerables estratos nos han llegado a revelar nada menos que la existencia de los seres unicelulares más primitivos del planeta, y ello a pesar de que esas minúsculas motas de materia viva moraron la Tierra 3.000 millones de años antes que los animales del Cámbrico, y de que tenían un tamaño mil o diez mil veces menor que éstos.

La explosión cámbrica ha sido sometida a un atento análisis desde varios ángulos de la biología contemporánea, sobre todo en los últimos cinco o seis años, y merece la pena examinar en cierto detalle el estado de la cuestión.

La explosión propiamente dicha no fue exactamente un instante: duró cerca de diez millones de años. ¿Es correcto llamar a eso una explosión? Es aceptable. Ese periodo supone un 1,7% del tiempo transcurrido desde entonces, es decir, de la historia clásica de la evolución animal en su conjunto. O, visto de otro modo, supone un 0,2% de la historia completa de la vida en la Tierra, desde la aparición de las primeras bacterias. Durante ese fugaz lapso apareció en el registro fósil la gran mayoría de los planes generales *(phyla)* de diseño animal que siguen poblando actualmente el planeta: artrópodos (el diseño de la mosca y la gamba), moluscos (el diseño de la almeja), anélidos (el diseño de la lombriz de tierra), cordados (el diseño de los peces y los vertebrados terrestres, incluido el ser humano) y al menos otras ocho grandes clases muy dispares. Esto no quiere decir, naturalmente, que las moscas, las sardinas y los humanos aparecieran en la explosión cámbrica. Los que aparecieron fueron los primeros representantes de los grandes grupos *(phyla)* a los que pertenecen esas especies actuales.

Cada uno de estos *phyla* tiene un diseño básico muy distinto (¿en qué se parece una nécora a una gallina?), por lo que los naturalistas nunca han dudado en clasificarlos en grupos virtualmente irreconciliables, o —dicho en términos genealógicos— en cada una de las ramas más gruesas y profundas de sus árboles taxonómicos. Juntos, estos doce planes generales de diseño dan cuenta de casi toda la diversidad de la vida animal del planeta, desde el más miserable de

los gusanos hasta el más excelso de los poetas. Y sin embargo, ya ven, todos parecieron surgir en la explosión cámbrica, una abrumadora manifestación creativa que sólo duró un 0,2% de la historia de la vida en la Tierra. Por dar una comparación, los diez millones de años de la explosión cámbrica son más o menos el tiempo que nos ha llevado a los seres humanos distinguirnos de nuestros parientes actuales más próximos, los chimpancés y los gorilas. ¿Qué nos está indicando este desconcertante enigma?

Bien, empecemos por aclarar que la última década de investigación paleontológica ha demostrado que Darwin tenía toda la razón en su predicción. La explosión cámbrica no surgió de la nada, ni mucho menos. El acontecimiento sigue siendo sobresaliente por su exuberancia y rapidez, pero describirlo como una línea que separa el mundo antiguo, donde sólo hay microbios unicelulares, del actual, con su orgía de diversidad animal, es incorrecto. Está claro ahora que los animales existían ya mucho antes de la explosión, al menos varias decenas de millones de años antes. (Los especialistas prefieren evitar la palabra *animales* y hablar en su lugar de *metazoos;* este término subraya que, a diferencia de los *protozoos,* que son eucariotas unicelulares, los organismos a los que nos referimos ahora están compuestos por muchas células eucariotas bien organizadas en tejidos especializados; aquí usaré *animal* y *metazoo* como términos sinónimos.)

Los animales (o metazoos) dejaron restos fósiles mucho antes de la explosión cámbrica. Los restos más antiguos, que se sepa hasta ahora, son unos pequeños discos hallados en las montañas MacKenzie, en el noroeste de Canadá, y datan de hace unos 600 millones de años (70 millones de años antes de la explosión cámbrica). Que sean discos, es decir, criaturas redondas —o, en la jerga de los zoólogos, dotadas de simetría radial—, como las anémonas, las hidras y las medusas, es muy importante: la práctica totalidad de los animales, desde la explosión cámbrica en adelante, tienen un tipo radicalmente distinto de simetría, llamada bilateral. Es decir, están formados por una mitad izquierda y una mitad derecha que son imágenes especulares una de otra, como los gusanos, los peces, las gallinas y los lectores de este libro. Los metazoos de simetría radial llevan 600 millones de años en este planeta, más que ningún otro animal, y pese a ello no han logrado progresos evolutivos dignos de mención. Por alguna razón, la evolución de los dispositivos biológicos realmente interesantes, como las patas, los ojos, los esqueletos y los cerebros, debió esperar a que la evolución inventara la simetría bilateral. Sigamos.

De la misma época que los discos de las montañas MacKenzie son

algunas *trazas o rastros* fósiles hallados a finales de los noventa en el oeste de Escocia, que podrían representar las marcas dejadas por alguna clase de animal desconocido al arrastrarse por el fondo marino. Los rastros de este tipo suelen atribuirse, en otros contextos, a alguna especie de gusano, es decir, a un animal bilateral, pero los paleontólogos no están convencidos por el momento de que éste sea el caso de las trazas escocesas.

Los signos inequívocos más antiguos de vida animal son unos embriones increíblemente bien preservados, y en toda una gama de fases del desarrollo temprano —hay embriones de una, dos, cuatro, ocho y dieciséis células— hallados a finales de los noventa en unos depósitos de fosforita (un tipo de roca muy rica en fosfatos) de la plataforma del Yangtsé, en el sur de China, y datan de hace unos 570 millones de años (40 millones de años antes de la explosión cámbrica). No hay forma de saber a qué clase de especie adulta pertenecen, ni si ésta es radial o bilateral, pero su morfología es sin lugar a dudas la de un embrión animal. Como este yacimiento es el primero compuesto de fosforita que los paleontólogos han examinado con técnicas microscópicas, es muy probable que las rocas similares de otros lugares del mundo escondan tesoros semejantes, y cabe esperar que aparezca un fósil adulto tarde o temprano.

Más diversa y abundante es la llamada fauna de Ediacara, un amplio y extraño grupo de impresiones fósiles de menos de un milímetro, halladas en yacimientos repartidos por todo el mundo, y cuya datación abarca un amplio periodo de unos 30 millones de años, desde la misma época que los embriones del Yangtsé (hace 570 millones de años) hasta hace 540 millones de años. La explosión cámbrica, recuérdese, no empezó hasta hace 530 millones de años. Muchos de estos fósiles son discoidales, pero el paleontólogo de la Universidad de Cambridge Simón Conway Morris, tal vez el mejor especialista del mundo en la evolución temprana de los metazoos, está convencido de que la fauna precámbrica de Ediacara no sólo contiene representantes de las esponjas (los metazoos más primitivos) y de toscos organismos radiales como las anémonas, sino también de los precursores de los animales bilaterales típicos de la explosión cámbrica. Es decir, de nosotros.

La pregunta crucial es si estos organismos precámbricos pueden considerarse ancestros de los animales de la explosión, aportando de ese modo un respiro gradualista a la brusquedad de la gran diversificación característica del Cámbrico. Cada vez más especialistas se van convenciendo de que es así. La hipótesis alternativa es que los discos de las montañas MacKenzie, los embriones del Yangtsé y la

fauna de Ediacara no representen verdaderos precursores de los animales de la explosión, sino una serie de experimentos evolutivos prematuros, fracasados y sin continuidad en la gran radiación animal posterior. Esta teoría ha perdido adeptos rápidamente en los últimos años.

De todos modos, en el mismísimo instante en el que se inicia el periodo Cámbrico, hace 543 millones de años, las relativas incertidumbres que acabamos de repasar dan paso a evidencias universalmente aceptadas de verdaderos precursores de los animales de la explosión. Por supuesto, no se trata de una casualidad. Los geólogos habían definido tradicionalmente el inicio de ese periodo geológico por los estratos donde aparecían los primeros fósiles animales. Por lo tanto, el inicio del Cámbrico coincidía por definición con el comienzo de la explosión cámbrica. Pero los recientes descubrimientos que acabo de mencionar, que revelan signos inequívocos de animales precursores de la explosión, han causado que los geólogos muevan 13 millones de años hacia el pasado el inicio del Cámbrico. Esa nueva convención es la que muestra la figura 6.1. Si este mismo criterio del límite portátil se sigue aplicando en el futuro, el origen del Cámbrico podría acabar situándose 80 millones de años más atrás, o quién sabe cuánto más, pero intentemos no perdernos con estas aburridas cuestiones de nomenclatura.

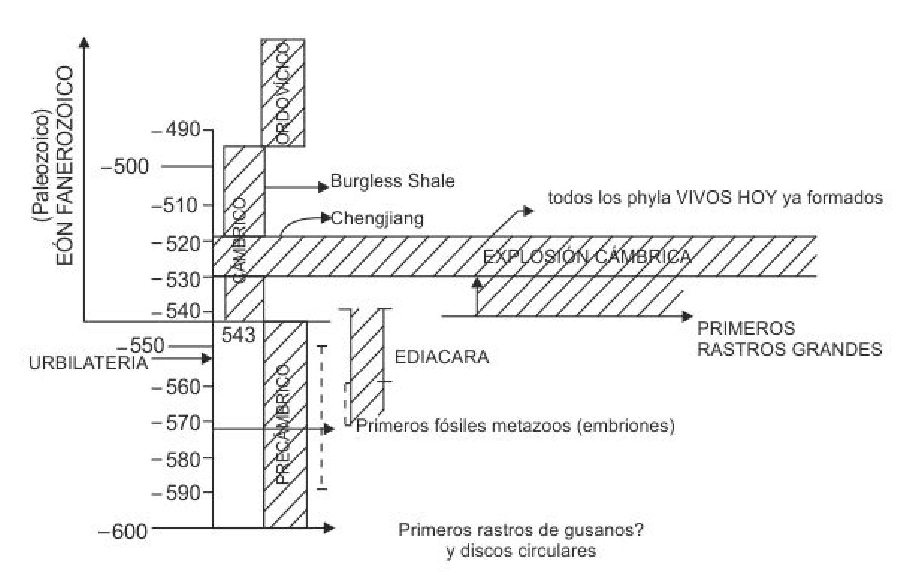


FIGURA 6.1: El origen de los animales, tal y como lo cuenta el registro fósil.

El honor de inaugurar el redefinido periodo Cámbrico no le cabe, por desgracia, a ninguna bestia corrupia de trece piernas y afiladas fauces, y así no hay manera de que estos descubrimientos lleguen al

cine. El fósil en cuestión es un simple surco —mucho mayor y más claro que los que vimos antes— dejado por alguna clase de gusano desconocido, y que para colmo se llama *Treptichnus pedum* (el nombre es del surco, no del gusano, que de momento permanece anónimo). Durante los trece millones de años que transcurrieron entre la primera aparición registrada de ese tipo de rastro y el inicio de la explosión, los surcos fueron creciendo en tamaño y diversificándose, o mejor dicho, reflejando la diversificación de los desconocidos gusanos que los labraron en el fondo marino. En la segunda mitad de ese lapso de 13 millones de años aparecen también restos de cuerpos fosilizados, sobre todo en forma de tubo y de cono, y también éstos van diversificándose gradualmente en formas y tamaños hasta que comienza la explosión cámbrica propiamente dicha.

Pese a ello, la explosión cámbrica propiamente dicha sigue siendo la responsable de la espectacular aparición de una docena de planes de diseño completamente nuevos y asombrosamente dispares, incluyendo la totalidad de los grandes grupos a los que pertenecen casi todos los animales que pueblan actualmente la Tierra, además de varios otros extintos. Y todo ello ocurrió en sólo 10 millones de años. Tres de los evolucionistas que más de cerca han examinado la explosión cámbrica en los últimos años, James Valentine, David Jablonski y Douglas Erwin, han llamado la atención sobre otra línea de evidencia que refuerza la significación de ese desconcertante fenómeno. Para entender este argumento, necesitamos escapar un momento del mundo rocoso de la paleontología y repasar brevemente la estrategia que han venido usando los biólogos moleculares para deducir la historia natural del pasado.

Situémonos en nuestra agencia de detectives Doctor Watson. Llega un cliente que dice ser descendiente de Winston Churchill por línea bastarda, y nos pide que lo probemos. Lo ideal sería analizar el ADN del cliente y compararlo con el de Churchill, pero no tenemos acceso a la tumba de este último. ¿Qué podemos hacer? Fácil: consultando el *Who's who* y la guía de teléfonos localizamos a dos o tres descendientes reconocidos de Churchill, les convencemos —con extorsiones si es necesario— para que nos cedan un poco de su ADN y comparamos esas muestras con la de nuestro cliente. Si éste es descendiente de Churchill, su ADN se parecerá bastante al de los otros descendientes. Si no lo es, se parecerá mucho menos.

La estrategia es similar en el estudio molecular de la evolución. El cliente ahora es cualquier especie actual (una mosca o un ser humano) que quiere saber si desciende de un gusano primitivo, ya extinto. Lo ideal sería comparar el ADN del cliente con el del gusano extinto, pero

no disponemos de éste último. Así que tenemos que conformarnos con comparar el ADN del cliente con el de otras especies actuales que —según creemos por otras razones— sí descienden del gusano primitivo. El grado de parecido entre las muestras nos dará una idea de la genealogía de la gran familia de los animales del planeta. Hacerlo es mucho más difícil que decirlo, pero los biólogos moleculares llevan ya un par de décadas acumulando datos de este tipo, y han alcanzado algunas conclusiones de sumo interés.

Desde hace más de un siglo, y hasta hace pocos años —los libros de texto aún lo reflejan así—, el gran fresco de la genealogía animal, basado en las comparaciones morfológicas, nos contaba una historia de cambio ascendente desde los orígenes más humildes hasta las cimas de complejidad y perfección que caracterizan a los grupos taxonómicos más próximos al ser humano. Así, los primeros animales habrían sido las ramplonas esponjas, seguidas de las torpes anémonas, hidras y medusas, que luego daban paso a los algo más soportables gusanos planos para finalmente, tras hacer escala en algunos seres de dignidad intermedia como los nemátodos, alcanzar las sublimes cúspides de los «metazoos superiores», entre los que nos encontramos los artrópodos (insectos, gambas, arañas) y los vertebrados, por citar sólo dos ejemplos. Una bonita historia confeccionada a la medida de las preconcepciones gradualistas pero que, por desgracia, no responde muy bien a la realidad.

Las comparaciones de ADN han puesto patas arriba esa elevación progresiva hacia los altares. Los detalles son demasiado farragosos para exponerlos aquí, pero un par de pinceladas pueden bastar para dar una idea de cuál es el aspecto real de la genealogía animal. Las esponjas, por ejemplo, no pueden considerarse precursoras de las anémonas y las medusas, sino que pertenecen al mismo clan que éstas. Los nemátodos (un tipo de gusanos redondos) son familia directa de los artrópodos, y no sus antecesores en la escalera al cielo. Los infames gusanos planos son primos cercanos, y no precursores, de los supuestamente superiores moluscos y anélidos, etcétera. Los datos en su conjunto no llegan a demostrar que estos grupos surgieran simultáneamente —las esponjas y las medusas aparecieron con seguridad antes que el resto, por ejemplo— pero son una llamada de atención contra la tentación, promovida por los prejuicios gradualistas, de inventar escalas ascendentes sin más evidencia que las diferencias aparentes en la complejidad morfológica. Las predicciones de la teoría de la selección natural deben distinguirse nítidamente de los hechos probados.

Una cosa más. Las comparaciones de ADN no han conseguido de

momento calcular fiablemente la época en que aparecieron los primeros animales. Varios laboratorios lo han intentado, pero las fechas que han calculado discrepan de manera espantosa (nada menos que entre los 600 millones de años atrás y los 1.500 millones de años atrás). Es obvio que una metodología que produce unas estimaciones tan absurdamente discrepantes sirve de muy poca cosa en este problema concreto. Pese a ello, Conway Morris ha hecho un monumental esfuerzo por compatibilizar las evidencias fósiles y las moleculares, y ha dibujado un árbol genealógico de la evolución temprana de los animales que debe considerarse, provisionalmente al menos, como la mejor aproximación disponible a la historia real. La figura 6.2 está basada en él.

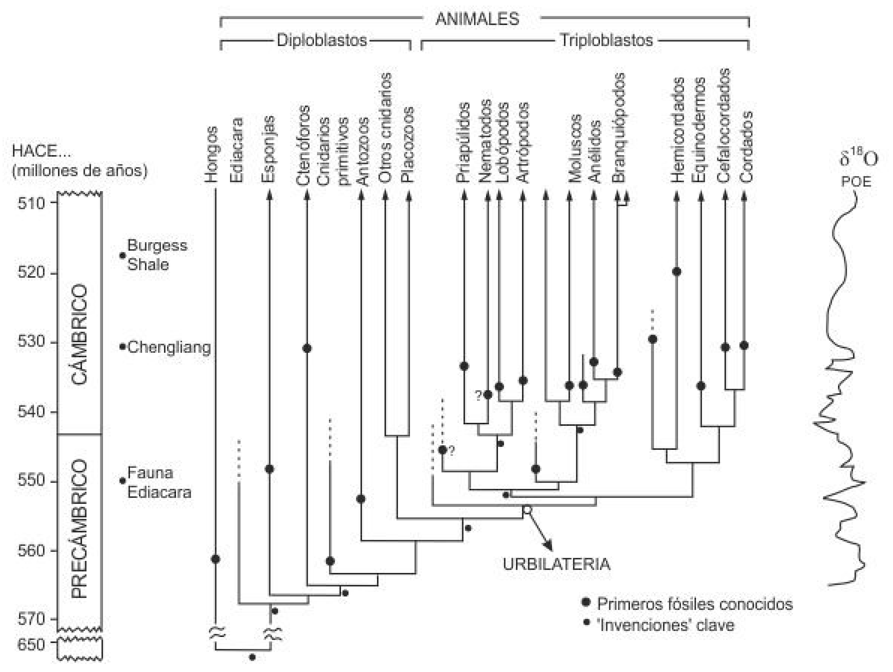


FIGURA 6.2: El origen de los animales, según la síntesis entre las evidencias paleontológicas y las comparaciones de ADN realizada por Simon Conway Morris.

Si la época en que vivió el primer animal debe todavía dejarse en cuarentena, los datos combinados de la paleontología y la biología molecular sí cuadran muy bien cuando intentan definir el límite opuesto: la fecha en que el fenómeno explosivo de aparición de nuevos planes de diseño puede darse por concluido. En palabras de Valentine, Jablonski y Erwin:

> Tanto el registro fósil como las filogenias moleculares [genealogías basadas en comparaciones de ADN] son

> coherentes con la idea de que todos los *phyla* animales vivos en la actualidad habían aparecido ya antes del final del intervalo de 10 millones de años que constituye la explosión cámbrica. (VALENTINE, JABLONSKY y ERWIN, 1999.)

Bien, hasta aquí los hechos. Preguntémonos ahora: ¿Qué postura han adoptado frente a la explosión cámbrica los darwinistas ortodoxos de nuestros días? Consideremos, por ejemplo, el siguiente análisis del más popular de ellos, el británico Richard Dawkins:

> Los zoólogos […] sienten la tentación de pensar en la división entre los grupos principales [*phyla,* o lo que aquí estamos llamando planes generales de diseño] como un acontecimiento trascendental. El motivo de que sean tan propensos al error es que han sido educados en la creencia casi reverencial de que cada una de las grandes divisiones del reino animal está dotada de algo profundamente único, algo a lo que aluden con frecuencia utilizando el término alemán *bauplan* [proyecto, o «plan corporal fundamental»]. […] Uno de ellos, por ejemplo, ha sugerido que la evolución en el periodo Cámbrico debe haber sido un tipo de proceso completamente diferente a la evolución en épocas posteriores. Su razonamiento fue que hoy en día están apareciendo nuevas especies, mientras que en el Cámbrico estaban apareciendo los grupos principales. ¡La falacia es flagrante! (DAWKINS, 1995.)

Dawkins, con su justamente famosa elocuencia, prosigue explicando que los distintos *bauplanes,* o planes generales de diseño, no eran inicialmente más que varias poblaciones de la misma especie primitiva. En la más pura ortodoxia darwiniana —pasada por nuestro viejo conocido, el modelo alopátrico de especiación ideado por el matemático y miembro fundador de la teoría sintética Sewall Wright —, Dawkins nos explica que esas poblaciones casi idénticas quedaron aisladas unas de otras por barreras geográficas y que, tras millones de años de evolución gradual por separado, fueron acumulando peculiaridades hasta convertirse en lo que ahora nos empeñamos en reconocer como diferencias fundamentales, como distintos *bauplanes.*

> Estas características son dignificadas con el grandioso título de «plan corporal fundamental» o *bauplan*, pero los principales *bauplanes* del reino animal divergieron gradualmente a partir de orígenes comunes. Hay que reconocer que hay un desacuerdo

> menor, si bien muy aireado, sobre *cuánto* es de gradual o de saltarina la evolución. Pero nadie, y quiero decir nadie, piensa que haya sido lo suficientemente saltarina como para inventar un nuevo *bauplan* en un solo paso. (Dawkins, 1995.)

Se podrían mencionar más ejemplos de este estilo, procedentes de otros darwinistas ortodoxos, pero, sinceramente, no creo que haga falta. La cita de Dawkins expresa a la perfección la actitud de todos ellos. La gran pesadilla de Charles Darwin, a lo que se ve, no parece preocupar lo más mínimo a sus sacerdotes. De todos modos, en el siguiente capítulo veremos que Dawkins tiene razón en el fondo de la cuestión: los *bauplanes,* sin la menor duda, tienen un origen común, un animal ancestral del que surgieron todos los *bauplanes* habidos y por haber. Este animal ancestral tiene ya hasta un nombre, bien que espantoso: Urbilateria. Y el problema, doctor Dawkins, es entender de dónde salió ese bicho, en qué forma adquirió sus asombrosas propiedades, cómo pudo dar lugar a la explosión cámbrica y por qué, acabada ésta, sumió su propensión saltarina en el más desconcertante de los silencios. No hagan caso a Dawkins y sigan leyendo.

7

Historia de Hox

Vimos en el primer capítulo que la teoría de la evolución —la propuesta de que todos los seres vivos de la Tierra proceden de un único ancestro— fue aceptada por la mayoría de los científicos en cuanto la publicó Darwin en 1859, mientras que el mecanismo de la selección natural nunca gozó del mismo predicamento. A finales del XIX y principios del XX, todos los científicos eran evolucionistas convencidos, pero la selección natural vivía sus momentos más bajos. Una de las razones era que muchos naturalistas creían aún que los procesos de tipo lamarckiano, basados en la herencia de los caracteres adquiridos, aportaban a la evolución un mecanismo mucho más eficaz que los ciegos y tediosos meandros de la selección natural. Nadie podía culparles. Al fin y al cabo, el propio Darwin había derivado ostensiblemente hacia el lamarckismo en sus últimos años. Pero fue el redescubrimiento de las leyes de Mendel, en 1900, el que vino a embarrar irremisiblemente la situación. Los genes eran entidades discretas, y sus mutaciones parecían tener efectos discontinuos en el organismo. Una sola mutación transformaba un guisante liso en rugoso, o en blanco el ojo rojo de una mosca, sin gradaciones ni medias tintas. Si el darwinismo era un mundo de cambio gradual y ritmos uniformes, todo en la recién nacida genética parecía discontinuo, saltarín, discreto.

De hecho, la genética fue utilizada desde el primer momento como un arma arrojadiza contra el gradualismo darwiniano. El científico británico William Bateson (1861-1926), uno de los cuatro investigadores que redescubrieron en 1900 las leyes de Mendel —y el que inventó el término *genética*—, ya era un saltacionista incluso antes de esa fecha, cuando publicó su influyente trabajo *Materiales para el estudio de la variación* (1894). Bateson concluía allí que la evolución no podía ocurrir mediante el cambio continuo de las especies, puesto que, en las plantas y animales que había observado, las estructuras

aparecían y desaparecían súbitamente, o se transformaban de una en otra de forma discreta y completa. Gran aficionado a bautizar los nuevos conceptos científicos, Bateson inventó el término *homeosis* para referirse a esa transformación discreta y completa de un órgano en otro. Esa palabra acabó siendo su contribución más perdurable a la historia de la biología, como veremos en seguida.

Bateson fue el gran introductor de Mendel en la ciencia anglosajona. En 1900, tras reconocer honradamente que las leyes de la herencia descubiertas 34 años antes por el monje austríaco podían explicar sus observaciones mejor que sus propias teorías, se ocupó de traducir al inglés el artículo de Mendel y se convirtió en su predicador oficial en tierras británicas. Curiosamente, en la primera década del siglo XX, fue también Bateson el primero en descubrir que los genes no siempre se transmitían de forma independiente a la siguiente generación, como había formulado el monje en una de sus leyes, sino que a veces hacían ese viaje juntos. Hoy sabemos que esto ocurre cuando varios genes están en el mismo cromosoma, un hecho enormemente común que, con toda probabilidad, Mendel ya había descubierto 40 años antes pero se guardó muy mucho de publicar para no empantanar sus nítidas estadísticas. En 1905 no se sabía aún que los genes estaban en los cromosomas, y Bateson, que no supo interpretar bien sus propios datos, formuló una teoría *vibratoria* de la herencia que ahora no es posible recordar sin sonrojo.

Fue el estadounidense Thomas Hunt Morgan quien interpretó correctamente los datos de Bateson, para horror del inglés, que nunca aceptó que los genes pudieran estar ordenados en fila a lo largo de cada cromosoma. La caída de Bateson a manos de Morgan tiene su importancia histórica, porque marca el inicio de la hegemonía científica norteamericana que caracterizaría a todo el siglo XX recién inaugurado, y que seguimos presenciando a comienzos del XXI. A partir de 1910 y durante varias décadas, Morgan y su prodigioso equipo de la Universidad de Columbia de Nueva York utilizaron la mosca del vinagre *Drosophila melanogaster* y sus grandes ventajas prácticas —prolijidad, pequeño tamaño y gran velocidad de desarrollo— para fundar la genética moderna. El equipo de Morgan estableció para siempre que los genes no sólo eran las unidades de la herencia descubiertas por Mendel, sino también los motores de la evolución formulada por Darwin y los conductores que guían al óvulo fecundado —una sola célula— a través del desarrollo embrionario hasta fabricar un adulto completo.

Al igual que Bateson, Morgan interpretó inicialmente los datos de la genética, con sus saltos discontinuos y sus mutaciones bruscas,

como un desafío al gradualismo darwiniano. Pero uno de sus discípulos, el ruso Theodosius Dobzhansky, fue uno de los científicos que más contribuyeron a disipar esas aparentes discrepancias. Dobzhansky se unió al grupo de Morgan en 1927 y, diez años después, tras compilar las evidencias que esos pioneros de la Universidad de Columbia iban obteniendo sobre la naturaleza de los genes, publicó *Genética y el origen de las especies* (1937), un trabajo de enorme influencia que convenció a varias generaciones de evolucionistas de que el efecto morfológico de las mutaciones podía ser en verdad muy pequeño, y mostró cómo la combinación de varias de ellas se bastaba para conferir a una población un repertorio continuo de variación externa enteramente compatible con el gradualismo darwiniano: un repertorio gradual de formas sobre el que podía actuar a su antojo la selección natural.

El trabajo de Dobzhansky, que se apoyaba firmemente en los modelos matemáticos del norteamericano Sewall Wright (el inventor del modelo de especiación alopátrica), obró el prodigio de compatibilizar dos ideas previamente percibidas como antagónicas, la selección natural y la genética mendeliana, una hibridación que se conoce desde entonces como teoría sintética o neodarwinismo. El postulado central de la teoría sintética, que ha sobrevivido intacto hasta nuestros días, es que, por más discretos y bruscos que sean los efectos de algunas mutaciones, la interacción entre muchas de ellas puede generar un continuo de variación en la población sobre el que actúan los graduales y parsimoniosos mecanismos de la selección natural. El aislamiento geográfico de una subpoblación hace el resto, al permitir la especiación (la generación de una nueva especie) por acumulación de cambios graduales en un sentido distinto al de población general. Para los neodarwinistas, como para los darwinistas sin más, los grandes cambios evolutivos, como la generación de nuevas especies, no necesitan mecanismos genéticos especiales: basta el cambio gradual acumulado por selección natural una generación tras otra, con la ayuda del aislamiento alopátrico de Wright desarrollado por Ernst Mayr.

Por cierto que, para dar una idea de la influencia de Dobzhansky, cabe recordar que fue su libro *Genética y el origen de las especies* el que logró convertir al darwinismo al mismísimo Mayr, que a principios de los años treinta sostenía todavía mecanismos lamarckianos para explicar sus observaciones sobre los pájaros de Nueva Guinea y las islas Solomon. Tras la lectura de Dobzhansky, Mayr se convirtió en el darwinista más prestigioso de la segunda mitad del siglo XX. Y hay otro punto sobre Dobzhansky que no quiero dejar escapar. Lo cito del

filósofo de la evolución Michael Ruse:

> Desde el principio, Dobzhansky reconoció que se dedicó a la empresa evolucionista con una misión, en su caso religiosa: la esperanza de demostrar que la evolución tiene un propósito divino y que el hombre era su producto más perfecto, la apoteosis de un proceso ascendente y progresivo. (RUSE, 2001.)

Lo que me lleva a su vez a un comentario cáustico de Lynn Margulis:

> Muchas circunstancias conspiran para oscurecer los descubrimientos científicos, especialmente aquéllos que causan incomodidad sobre las normas sagradas de nuestra cultura [...] Una convicción extendida aunque no formulada es la gran cadena del ser. Define la venerable posición de los humanos como el centro exacto del universo en la mitad de la cadena del ser, debajo de Dios y encima de la roca. Esta idea antropocéntrica domina el pensamiento religioso, incluso el de aquéllos que aseguran rechazar la religión y reemplazarla con una visión científica del mundo. (MARGULIS, 1998.)

Abandonemos por un momento la gran síntesis neodarwiniana, pero sin alejarnos mucho de Thomas Hunt Morgan. Ya en 1915, doce años antes de que Dobzhansky llegara desde Rusia a la Universidad de Columbia, otro de los estudiantes de Morgan, Calvin Bridges, había encontrado una mutación en *Drosophila* que parecía transformar parte del tercer segmento torácico (que normalmente tiene un par de pequeños órganos para estabilizar el vuelo, llamados halterios) en una copia del segundo segmento torácico (que es donde están las dos alas). El resultado es una mosca que no llega a tener cuatro alas, pero que se aproxima bastante a esa herejía taxonómica (véase la figura 7.1). La mosca es de la familia de los dípteros, un grupo que debe su nombre precisamente al hecho de tener dos alas, y no cuatro como las mariposas o las libélulas. Bridges llamó a esa mutación *bithorax,* y se dio cuenta de que representaba el primer ejemplo de «homeosis» causado por una mutación ocurrida ante sus ojos. ¿Recuerdan? Ése fue el término acuñado poco antes por el británico William Bateson, el gran inventor de palabras, para designar las transformaciones discretas de un órgano en otro que había observado en el mundo vegetal.

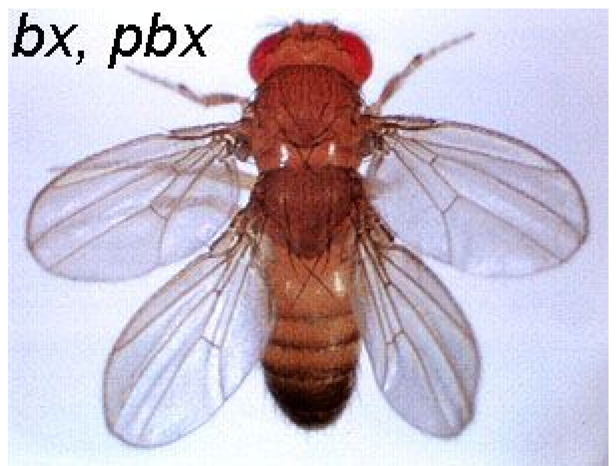


FIGURA 7.1: La combinación de dos mutaciones en el gen *Ultrabithorax* genera una mosca con cuatro alas en vez de dos. La mosca es una pesadilla, sobre todo para los neodarwinistas.

En 1919, cuatro años después de descubrir *bithorax,* Bridges encontró otra mutación «homeótica» situada muy cerca en el mismo cromosoma, a la que denominó *bithoraxoid* (literalmente, «cosa parecida a *bithorax*»). Mirando más cuidadosamente a sus dos mutantes. Bridges empezó a notar que todo el asunto revestía un carácter muy extraño. Mientras *bithorax* transformaba la parte anterior del halterio en una parte anterior del ala, *bithoraxoid* hacía lo propio con las partes posteriores de ambos órganos. Además, esta última mutación afectaba también al primer segmento abdominal (que normalmente no tiene patas), convirtiéndolo en una versión del tercer segmento torácico (que sí tiene). El resultado ahora se aproximaba a una mosca que no sólo tenía cuatro alas en vez de dos, sino también cuatro pares de patas en vez de tres, lo que ya era el colmo. Para ser un insecto hay que tener tres pares de patas. Si uno tiene cuatro pares de patas, es un arácnido.

Bridges tenía muchas otras cosas que hacer y no examinó la cuestión más a fondo, de modo que hubieron de pasar 27 años hasta que uno de sus estudiantes, Ed Lewis, retomó el problema en 1946. Así de parsimoniosa era la genética de aquellos días. Por ponerlo de una forma suave, digamos que Lewis se metió en un berenjenal cromosómico de una espesura sin precedentes y que, cuando logró zafarse a machetazos del enredo, habían pasado nada menos que 32 años más. En 1978 envió a la revista *Nature* el manuscrito con los resultados que había amasado después de tres décadas cruzando moscas y dibujando flechas en un papel. Los editores de *Nature,* que en su vida habían visto un análisis genético más farragoso, oscuro e inextricable que aquél, quisieron devolverle el manuscrito a Lewis para que intentara aclarar algunos puntos, pero el científico de

Cambridge Peter Lawrence, un estrecho colaborador de Francis Crick, les disuadió con el siguiente argumento: «¡Ni se os ocurra devolverle el manuscrito! Puede tardar otros 30 años en enviarlo de nuevo». Así que el artículo apareció tal cual en 1978, titulado «A gene complex controlling segmentation in Drosophila» (Un grupo complejo de genes que controla la segmentación en Drosophila). Poca gente entendió aquel galimatías. Habían pasado 63 años desde que el mentor de Lewis, Calvin Bridges, descubrió la mutación *bithorax* en el laboratorio de Morgan. Me pregunto qué pensará Lewis, que todavía vive, cuando oye hablar en la tele de los «vertiginosos avances de la genética».

El problema con Lewis era que, pese a tener en sus manos durante tres décadas el más apasionante de los problemas de control genético del desarrollo animal, nunca logró interesarse a fondo por esa materia. Miembro al fin y al cabo de la escuela de Morgan, su motivación fue siempre la genética pura, y *bithorax* no era para él más que un modelo de estudio de la regulación genética. El propio Lewis lo reconoció en 1995 en Estocolmo, cuando recogió el premio Nobel:

> Era evidente que la serie diversa de municiones del tipo *bithorax* albergaba la promesa notable de representar un grupo de genes, y no una serie alélica [una serie de distintas variaciones de un solo gen]. Fue por esta razón por la que fueron elegidos como objeto de estudio, y no por ninguna creencia en que nos dirían algo sobre cómo los genes controlan el desarrollo. (LEWIS, 1995.)

La plena implicación de los genes del tipo *bithorax* (a los que llamaremos a partir de ahora *genes Hox*) en el campo del control genético del desarrollo y la evolución animal debe mucho a lo que en los años setenta se llamó «la escuela de Madrid», que en realidad era un pequeño laboratorio de moscas dirigido por Antonio García-Bellido, entonces en el Centro de Investigaciones Biológicas del Consejo Superior de Investigaciones Científicas. García-Bellido y sus entonces estudiantes de doctorado Ginés Morata y Pedro Ripoll demostraron en los primeros años setenta que el cuerpo de la mosca se va dividiendo, a lo largo del desarrollo, en territorios estancos a los que llamaron compartimentos. Cada segmento, por ejemplo, está dividido desde los primeros minutos de vida del embrión en un compartimento anterior y uno posterior. Cada célula sabe en todo momento a qué compartimento pertenece, y ni ella ni sus hijas cruzan jamás la frontera entre compartimentos, pese a que ésta es invisible y no supone ninguna barrera física obvia. Estos experimentos y teorías

provocaron que el codescubridor de la doble hélice del ADN, Francis Crick, se interesara en los resultados del grupo español hasta el punto de escribir una revisión sobre ellos, en la revista *Science,* junto con su colaborador Peter Lawrence, que había visitado el laboratorio de Madrid y conocía de primera mano el trabajo.

El laboratorio de García-Bellido pudo establecer ya entonces que cada gen Hox funciona en todas las células de cada compartimento para otorgar a éste una identidad concreta: por ejemplo, la identidad del compartimento anterior del tercer segmento torácico. De ahí que la mutación *bithorax* transformara la parte anterior del halterio en parte anterior del ala, mientras que la mutación *bithoraxoid* hacía lo propio con las partes posteriores: cada mutación afecta a la identidad de un compartimento concreto. Para un pequeño grupo de genetistas de *Drosophila* de varios países, resultó evidente que los genes Hox conferían la identidad a cada compartimento regulando a baterías completas de otros genes, y la biología molecular vino a darles la razón en la siguiente década.

En los primeros años ochenta, Ginés Morata se planteó la desapacible tarea de esclarecer el laberinto que Ed Lewis había depuesto en su *Nature* de 1978. En los alrededores de *bithorax*, Lewis creía haber descubierto más de una docena de genes Hox: *bithorax, bithoraxoid, postbithorax, Contrabithorax, Ultrabithorax* y un grupo de otros ocho genes implicados en el desarrollo abdominal, a los que llamó *infraabdominal-2, infraabdominal-3* y así hasta *infraabdominal-9.* La relación entre estos genes era más bien tormentosa y venía regida por un enjambre de reglas extravagantes formuladas por el propio Lewis con el único propósito de cuadrar sus datos, tales como ésta: «Las mutaciones de pérdida de función de un gen dado tienden a inactivar polarmente los genes próximos más distales». O esta otra: «La pérdida de función de un gen tiende a estar acompañada de la sobreexpresión de la función asociada con el gen inmediatamente proximal».

Ginés Morata encargó los experimentos a su estudiante de doctorado Ernesto Sánchez Herrero. El trabajo implicaba la generación de decenas de nuevas mutaciones y un cuidadoso estudio de su efecto, en solitario y en múltiples combinaciones entre ellas. Pronto observaron que los resultados no encajaban con las ideas de Lewis, y que todo el enjambre genético deducido por éste podía, en realidad, reducirse a sólo tres genes bastante convencionales.

Morata dio en aquel año varias conferencias en distintos centros de investigación del mundo para anunciar que el embarullado enjambre propuesto por Lewis tras 32 años de experimentación era erróneo, y

que aquella región cromosómica no tenía en realidad más que tres genes bastante normales. Lewis era ya una figura intocable, al menos en Estados Unidos, y las ideas de Morata fueron recibidas con un generalizado escepticismo. Pero ese mismo año ocurrió algo extraordinario.

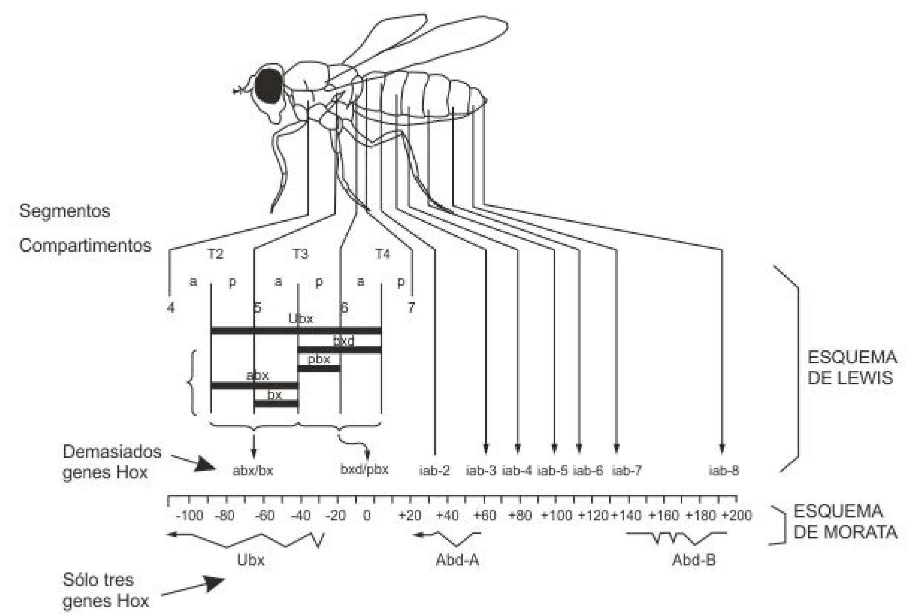


FIGURA 7.2: Ed Lewis complicó demasiado el mapa genético de los genes Hox: llamó «genes» a lo que, en realidad, eran zonas reguladoras de cada gen (arriba). Ginés Morata elucidó después el modelo correcto (abajo).

Los biólogos moleculares ya habían purificado el ADN de las regiones del genoma de Drosophila que, según habían definido Bridges, Lewis y otros genetistas, contenían los genes Hox. Estos tramos de ADN medían en conjunto cerca de un millón de bases (las *letras* de la doble hélice), un espacio en el que podrían caber hasta un millar de genes de tamaño pequeño. Los procedimientos eran muy tediosos en aquellos años, y rastrear esas amplias zonas de ADN hasta descartar la paja, encontrar los genes predichos por Lewis y describirlos en detalle llevaría aún mucho tiempo. Pero William McGinnis y Michael Levine, del laboratorio de Walter Gehring en Zurich, y por otro lado Matt Scott y A. J. Weiner, en Estados Unidos, tuvieron una idea simple y eficaz que iba a acelerar enormemente las cosas.

Nadie sabía qué tipo de secuencia de ADN deberían tener los genes Hox. Pero, puesto que todos esos genes parecían hacer cosas similares —definir la identidad de uno u otro compartimento a lo largo del cuerpo de la mosca—, era bastante probable que los genes tuvieran

cierto parecido entre sí. Detectar zonas de secuencia parecida en el ADN es muy sencillo: como consecuencia de la complementariedad de bases, tienden a pegarse entre sí en ciertas condiciones. Así que McGinnis, Levine y los demás decidieron dar un palo de ciego. Sólo les llevaría un par de días, y no tenían nada que perder. Simplemente, partieron en centenares de pedazos todo el ADN que tenían purificado, y buscaron si algún pedazo se pegaba a algún otro, sin ninguna idea preconcebida. ¡Bingo! Tal y como habían esperado, había una pequeña secuencia de ADN, de unas 180 bases de longitud, que se pegaba en varios sitios. La llamaron *homeobox,* que en la jerga molecular viene a querer decir «secuencia de ADN que suele aparecer en los genes homeóticos». ¿Ven lo que dije antes? Fíjense hasta dónde llegó la palabra inventada por Bateson, *homeosis,* su más perdurable aportación a la ciencia. El término Hox, por cierto, no es más que una contracción de la palabra *homeobox.*

En la región de los alrededores de *bithorax,* donde Lewis había creído ver una docena de genes, McGinnis y Levine sólo encontraron tres homeoboxes. Ese solo hecho, aun antes de saber qué era exactamente la homeobox, convenció a todo el mundo (excepto a Lewis) de que Morata tenía razón. El modelo de «los tres genes bastante normales» se publicó en 1985 en *Nature* con todos los honores, y se ha convertido desde entonces en uno de los trabajos españoles más citados por las revistas científicas internacionales. (*Drosophila* tiene otros seis genes Hox, pero están en un bloque separado, alejado de *bithorax.)*

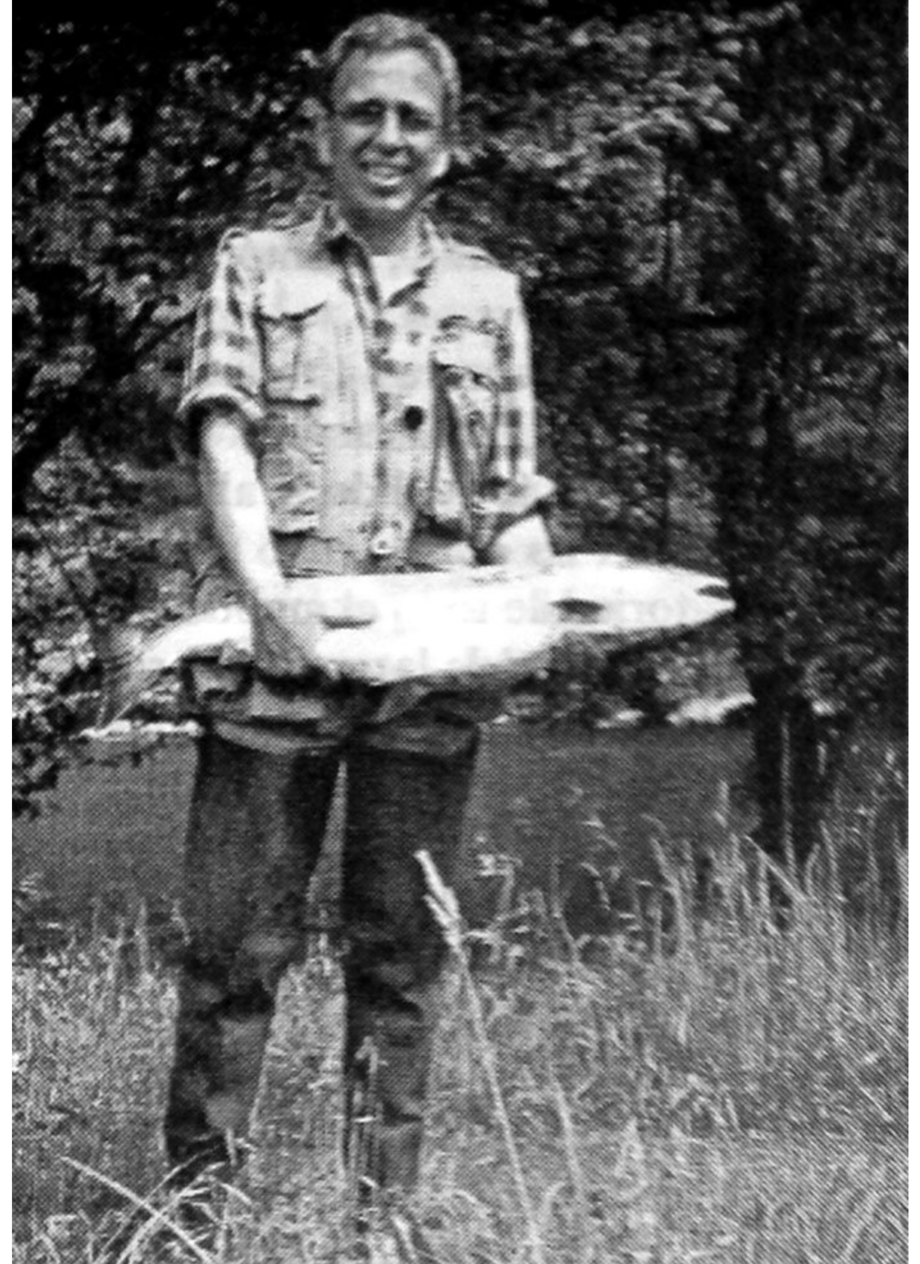


FIGURA 7.3: Ginés Morata (de pie) asegura haber pescado ese desconcertante salmón de 6,2 kilos.

El descubrimiento de la homeobox fue tan estimulante para todo el mundo que McGinnis y Levine pudieron publicarlo en *Nature* inmediatamente, aquel mismo año de 1984, sin siquiera haber determinado qué significaba esa secuencia de ADN, algo que sería por completo inimaginable en nuestros exigentes días. Pero pocos días

después de aparecer ese artículo, el biólogo molecular Carlos Cabrera llegó a Madrid desde el laboratorio de David Hogness, en California, con cotilleos mucho más frescos. Harto de que le pararan por los pasillos para pedirle noticias. Cabrera decidió dar un seminario informal para contar que la homeobox representaba un módulo presente en todas las proteínas Hox (las proteínas fabricadas por los genes Hox) que permitía a éstas unirse al ADN, lo que indicaba que la función de los genes Hox era regular a otros genes.

—¡Toma, pues vaya novedad! —bramó desde su asiento García-Bellido.

—Bueno —se disculpó Cabrera—, todavía hay por ahí quien sostiene que son proteínas de membrana.

—¡Memeces! —dijo García-Bellido, y ahí se acabó el seminario.

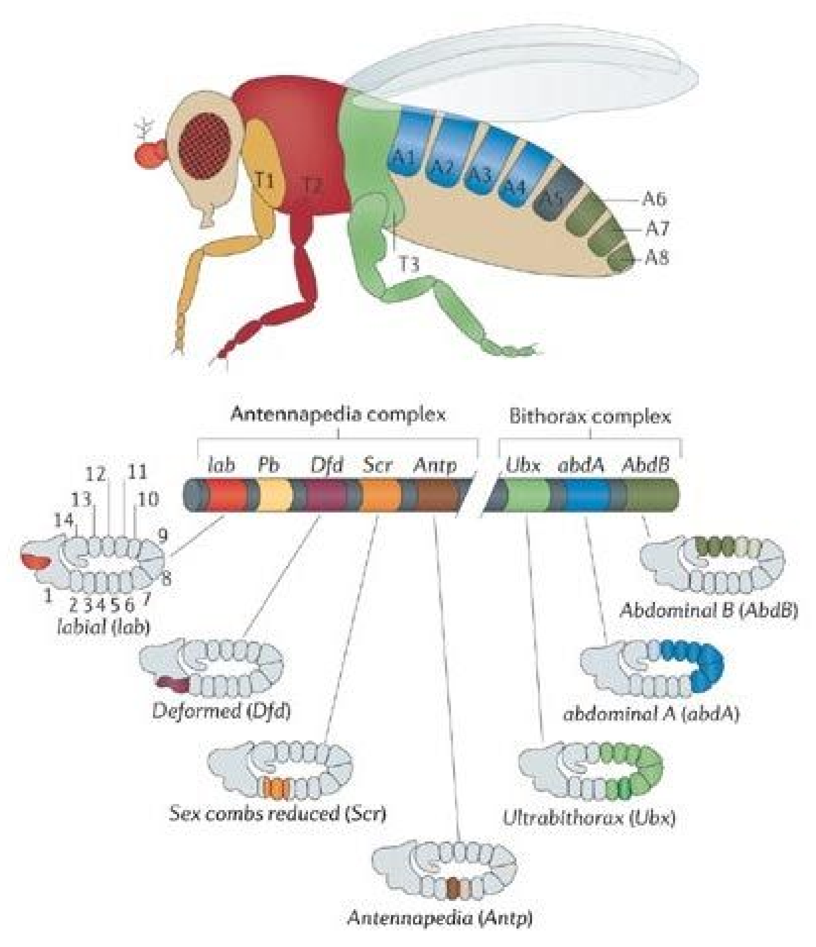


FIGURA 7.4: Lewis descubrió que los genes de la fila Hox están dispuestos en el cromosoma en el mismo orden que las partes del cuerpo que define cada uno de ellos. El embrión de *Drosophila* está doblado sobre sí mismo: por eso los últimos segmentos del cuerpo se sitúan encima de los primeros.

Decenas de laboratorios de todo el mundo empezaron a trabajar con la homeobox, y algunas de las mayores sorpresas de la biología del siglo XX se encadenaron a velocidad de vértigo. La homeobox no es una peculiaridad de *Drosophila,* sino que aparece sistemáticamente en todos los animales, y ello permitió purificar los genes Hox de cualquier especie directamente, sin necesidad de análisis genético previo (no fue necesario un Ed Lewis trabajando 32 años por cada nueva especie). Cada animal tiene aproximadamente una decena de genes Hox, y siempre aparecen dispuestos en fila. La única excepción, paradójicamente, es *Drosophila,* donde la fila primordial aparece dividida en dos bloques. Pero, hecha esta salvedad, el orden de los diez genes es siempre el mismo en todas las especies. Ed Lewis había demostrado en *Drosophila* otro hecho increíble: que el orden de los genes Hox en el cromosoma es el mismo que el orden de las partes del cuerpo que cada gen define. A la izquierda los genes que especifican la cabeza, en el centro los del tronco y a la derecha los del abdomen. Esto se llama colinearidad.

Pues bien, cuando los genes se pudieron inactivar artificialmente en ratones y otras especies, se comprobó que guardaban el mismo principio de colinearidad que en la mosca. Para colmo, los genes son intercambiables entre especies. El gen Hox llamado *Deformed* (uno de los primeros de la fila, véase figura 7.5) especifica en la mosca una parte de la cabeza, y su equivalente en otras especies también especifica parte de la cabeza de un sapo, un ratón o un ser humano. El último gen Hox de la fila se llama *caudal, y* define la zona anal en todas las especies. Un gen Hox humano es capaz de *curar* a una mosca que tenga mutado el gen equivalente. Ah, y lo que el gen humano le restaura a la mosca mutante es una cabeza de mosca, no una cabeza humana: los genes Hox no *hacen* estructuras, sólo seleccionan una u otra estructura entre las disponibles para cada especie. La fila de genes Hox se ocupa de que las estructuras propias de una especie estén en el lugar correcto a lo largo de un eje.

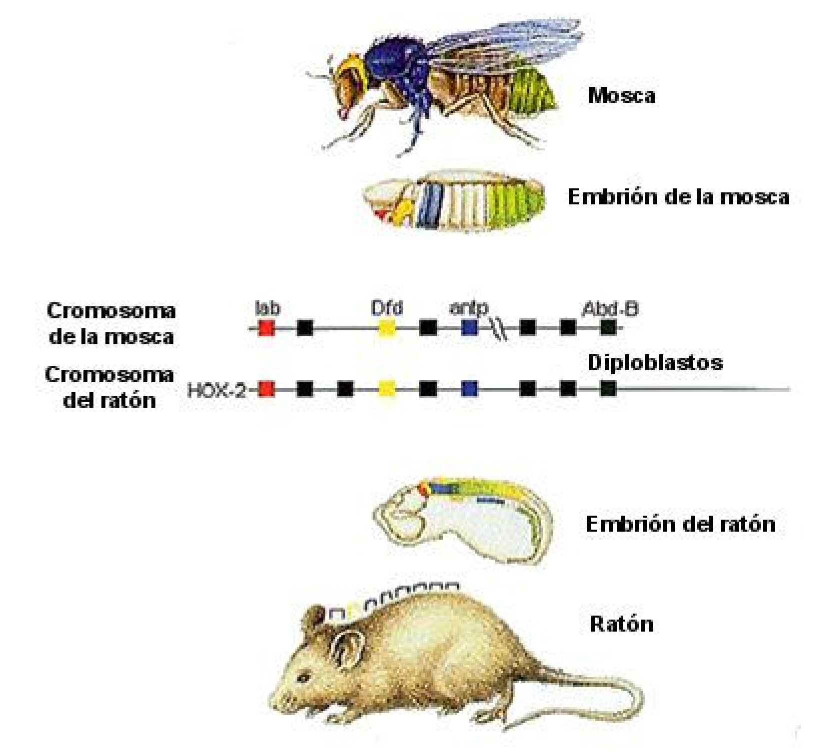


FIGURA 7.5: La mayor sorpresa de la biología de la segunda mitad del siglo XX: la fila Hox existe en todos los animales (aquí, la mosca y el ratón), y se dedica a lo mismo en todos ellos.

Todo lo que he expuesto en el último párrafo se ha ido desplegando en los últimos 15 o 20 años ante los ojos exorbitados de los genetistas. Se trata, en mi opinión, del conjunto de hechos más sorprendente y enigmático que la genética ha descubierto en toda su historia, porque revela que toda la deslumbrante diversidad animal de este planeta, desde los ácaros de la moqueta hasta los ministros de cultura pasando por los berberechos y los gusanos que les parasitan, no son más que ajustes menores de un meticuloso plan de diseño que la evolución inventó una sola vez, hace unos 600 millones de años. Y que, sin embargo, es tan eficaz y versátil que sirve para construir casi cualquier cosa que uno quiera imaginar, nade, corra, vuele o resuelva ecuaciones diferenciales. Nadie, absolutamente nadie, se hubiera imaginado una cosa semejante hace 20 años, no digamos ya en tiempos de Darwin.

La explosión cámbrica sigue siendo un gran problema, pero ya no es *el* gran problema. La aparición de todos los *bauplanes* actuales durante aquel corto periodo de 10 millones de años puede seguir pareciendo un fenómeno desconcertante, pero la verdad es que palidece frente al enigma al que nos enfrentamos ahora. Si el precursor de todos los animales de la explosión, un ser precámbrico

desconocido al que hemos denominado Urbilateria, estaba ya dotado de un meticuloso mecanismo de diseño basado en una fila de genes Hox, es decir, en un sistema genético especializado en organizar cualquier tipo de cuerpo del futuro, un sistema tan complejo, eficaz y versátil que ha permanecido universalmente incuestionado durante los 600 millones de años subsiguientes, ¿de dónde demonios salió Urbilateria?

8

La explosión cámbrica era esto

La demostración que acabamos de ver de que el precursor de todos los organismos bilaterales, al que hemos llamado Urbilateria, era un ser ya dotado de los principales sistemas genéticos complejos que construyen a los animales actuales es una gran ayuda para comprender la explosión cámbrica. El problema ya no es explicar que todos los planes generales de diseño *(bauplanes),* tan aparentemente dispares, aparecieran de súbito en la explosión. Sabemos ahora que esos planes no son más que variaciones secundarias sobre el *bauplan* original de Urbilateria. Y lo que necesitamos explicar, por lo tanto, es de dónde demonios salió ese Urbilateria y todo su equipamiento tan asombrosamente preparado para la vida moderna. Como veremos, no se trata sólo de los genes Hox. Urbilateria también inventó las tres capas germinales de todos los embriones actuales (ectodermo, mesodermo y endodermo, véase el glosario), la simetría bilateral, un cuerpo dividido al menos en cabeza, tronco y abdomen, una cuerda nerviosa central, un sistema digestivo que atraviesa el cuerpo de boca a ano y los sistemas básicos para especificar los ojos, las extremidades y varios órganos internos.

Todo ello debió evolucionar desde un ancestro que ya era un animal multicelular, sí, pero que no había llegado mucho más allá de ese logro nominal. Los seres vivos inmediatamente anteriores a Urbilateria eran toscos diploblastos (tenían ectodermo y endodermo, pero no mesodermo; véase el glosario) de forma redonda, como las anémonas, las medusas y las hidras, dotados de una poco prometedora simetría radial y carentes de todas las avanzadísimas cualidades del prodigioso Urbilateria, que acabamos de enumerar. El salto entre la hidra, que puede considerarse el más avanzado de esos precursores, y Urbilateria es, por expresarlo de manera suave, un abismo evolutivo. Para colmo, y según el mejor árbol genealógico del que disponemos en la actualidad, el que ha propuesto Conway Morris reuniendo los datos

paleontológicos y moleculares, el último antecesor común de la hidra y Urbilateria (un animal diploblástico que no podía ser más complejo que la propia hidra) surgió sólo… ¡dos millones de años antes que Urbilateria! (figura 6.2). Si hemos de fiarnos del cálculo de Conway Morris, ese ridículo lapso de tiempo es todo lo que tenemos para inventar las apabullantes complejidades del mundo bilateral al que pertenecemos. Es importante, de todos modos, que recordemos que estas dataciones son todavía provisionales, y que la magnitud de esos lapsos de tiempo sufrirá con seguridad notables revisiones en los próximos años. Pero aun cuando el error del árbol de Conway Morris sea garrafal en este punto, fijémonos en lo siguiente:

El cambio desde los diploblastos (anémonas, medusas, hidras) hasta Urbilateria es —no importa qué criterio morfológico, embriológico o genético se considere— un avance evolutivo abrumadoramente mayor que cualquier cosa que haya ocurrido después en la historia natural de este planeta. Llamémoslo el Gran Salto. Si el cálculo de Conway Morris es correcto, el tiempo disponible para el Gran Salto, dos millones de años, sería comparable al que separa evolutivamente a dos especies de moscas, *Drosophila mauritiana* y *Drosophila melanogaster*, que son prácticamente indistinguibles a simple vista. Si el cálculo estuviera equivocado en diez veces, el tiempo del Gran Salto (20 millones de años) equivaldría al necesario para la divergencia de dos especies de monos no muy diferentes entre sí. Incluso si el error fuera de 100 veces (200 millones de años), lo que ya es desbarrar, el Gran Salto habría dispuesto de un tiempo comparable al de la diversificación de los mamíferos. Las diferencias entre cualesquiera dos mamíferos —ratones y primates, por ejemplo— son una verdadera nimiedad en comparación con el salto de la hidra a Urbilateria. Por mucho que se corrijan las estimaciones de Conway Morris, los tiempos no cuadrarán jamás con un modelo parsimonioso para el origen de nuestro asombroso ancestro precámbrico.

Reparemos además en que, al menos desde los tiempos de la fauna de Ediacara (hace unos 560 millones de años), los fósiles de los organismos diploblásticos son muy abundantes en todo tipo de depósitos paleontológicos. Y desde hace unos 550 millones de años (algo antes del inicio del Cámbrico), los animales bilaterales han dejado restos fósiles igualmente abundantes. Pese a ello, no hay ninguna evidencia de un intermediario evolutivo entre ambos. Más aún, todos los animales actuales son o diploblásticos o bilaterales. Tampoco por este criterio hay términos medios. ¿Recuerdan la limpia distinción entre las bacterias y las células eucariotas? O uno es una bacteria, o uno es un eucariota, o se calla uno. Pues algo parecido

ocurre aquí. La transición entre los animales diploblásticos y los bilaterales, el Gran Salto, no sólo es aparentemente rápida, sino también aparentemente nítida, discreta, excluyente. ¿Qué esperanzas tenemos de resolver este enigma?

Una cuestión crucial es comprender el origen de los genes Hox. Como Urbilateria es el último ancestro común de las moscas, los humanos y las lombrices (por citar sólo tres de sus 30 millones de nietos), las propiedades de la fila Hox que sean comunes a esos tres animales, cuyos linajes llevan separados desde antes de la explosión cámbrica, debían estar ya presentes en Urbilateria. Ello quiere decir que este increíble animal poseía una fila de ocho o diez genes Hox. Y que esos genes eran esencialmente los mismos, y estaban en el mismo orden, que los genes Hox de los animales actuales. Y que su función era definir —regulando a redes completas de otros genes— las identidades a lo largo del eje del cuerpo, respetando la colinearidad entre los genes y las partes del cuerpo especificadas por los genes, desde *labial* hasta *caudal* y de cabeza a cola. ¿De dónde sacó Urbilateria toda esa arquitectura genética tan chocantemente elaborada?

Lo primero que tenemos que hacer es volver la cabeza hacia la hidra y los demás metazoos diploblásticos, los animales más avanzados que precedieron a Urbilateria. ¿Tenía la hidra algo parecido a una fila Hox? ¿Algo a lo que poder agarrarnos como punto de partida para generar con rapidez la batería ordenada de ocho o diez genes Hox que organizan el eje del cuerpo? Ya tenemos la respuesta, gracias sobre todo a las exhaustivas comparaciones de secuencia entre las hidras actuales y los animales bilaterales publicadas en abril de 2000 por el equipo de Brigitte Galliot, de la Universidad de Ginebra. Se puede afirmar con seguridad que la hidra tenía primitivamente —todavía tiene— tres genes Hox. Uno fue probablemente el precursor de *labial,* el primero de la fila bilateral canónica. Otro puede ser el antecesor de *proboscipedia,* el segundo de la fila canónica, y otro el de *Abdominal-B,* el noveno (o penúltimo) de la fila. No está mal, después de todo. El alivio, si se mira bien, es muy similar al que ya nos ofrecía la paleontología. La aparición en el registro fósil de los animales bilaterales es un poco menos misteriosa desde que sabemos que fue precedida por un registro abundante de organismos diploblásticos. E igualmente, la formación de la fila Hox de los animales bilaterales, con sus ocho o diez genes, es un poco menos misteriosa cuando reparamos en que los metazoos diploblásticos disponían ya de tres genes Hox. Pero ¿a qué se dedicaban esos genes en la hidra? ¿Se les puede considerar no sólo

precursores en un estrecho sentido molecular (parecido de secuencia de ADN), sino también en un profundo sentido funcional? ¿Se dedicaban los genes Hox de la hidra a organizar el (escaso) repertorio de formas de este animal a lo largo de un eje? Aquí empezamos a pinchar.

Por un lado, los tres genes Hox de la hidra no parecen estar organizados en una fila a lo largo del cromosoma. Andan sueltos por el genoma. Es posible, desde luego, que hubieran formado una fila originalmente, hace unos 600 millones de años, y que se hayan separado en los representantes actuales de las hidras, que son los que utilizan los biólogos moleculares para analizar sus genes. Estas escisiones de la fila Hox original no son muy comunes en los linajes bilaterales, pero han ocurrido en ocasiones. Sin ir más lejos, y como ya hemos mencionado, la especie en la que se descubrieron los genes Hox, la mosca *Drosophila,* es uno de los pocos metazoos que tienen la fila partida en dos. Y Gary Struhl, de la Universidad de Columbia en Nueva York, demostró ya en los años setenta que esos dos bloques pueden separarse experimentalmente en aún más fragmentos sin que su función se resienta. El hecho de que los genes Hox aparezcan en fila es probablemente una consecuencia de que así se originaron en la evolución, no una necesidad impuesta por su función. Es perfectamente posible, por tanto, que los dos o tres genes Hox de la hidra formaran inicialmente una fila y se hayan escindido desde entonces.

Las dificultades son más graves cuando uno intenta hacerse una idea sobre la función de estos genes en la hidra. Lo ideal para esto es hacer genética clásica: inactivar los genes uno a uno y ver qué le pasa a la estructura del animal diploblástico. De momento no se ha intentado, ya que hacer genética en la hidra es difícil. Pero Brigitte Galliot y sus colaboradores han salvado esta dificultad examinando dónde y cuándo se activan los tres genes Hox en el cuerpo de la hidra, tanto en una situación normal como durante la regeneración que este animal lleva a cabo con pasmosa facilidad cuando los investigadores le cortan la cabeza, el pie o ambos. Veamos estos resultados, que están resumidos en la figura 8.1.

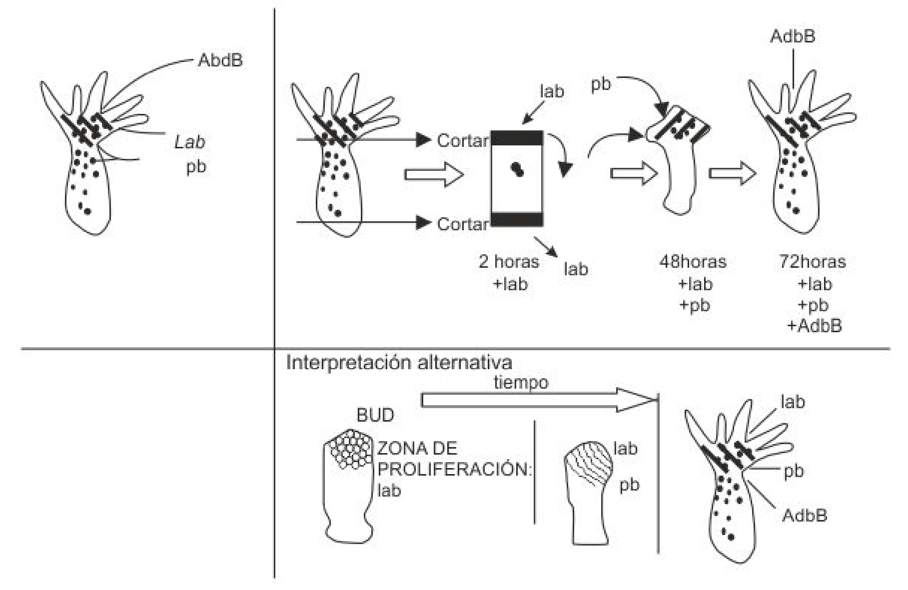


FIGURA 8.1: La hidra tiene tres genes Hox, aunque no forman una fila ni se activan ordenadamente a lo largo del cuerpo. Sin embargo, sí se activan con cierto orden *temporal* durante la regeneración del cuerpo tras un corte.

Hubiera sido bonito que los tres genes aparecieran activos en una ordenada pauta espacial, *labial* en lo más alto de la cabeza, *proboscipedia* un poco más abajo y *Abdominal-B* cerca de la base del pie, pero por desgracia no es así. Simplificando, los tres genes están activos en la misma zona de la cabeza, sin seguir una pauta clara en el eje anteroposterior. ¿Y durante la regeneración? Aquí sí hay una pauta, pero no es espacial, sino temporal. Tras cortarle la cabeza al animal, *labial* se activa muy rápidamente (a las dos horas) en la parte superior, cercana al corte, cuyas células ya están empezando a proliferar para regenerar la parte extirpada. El gen *proboscipedia* se activa a las 48 horas, hacia la mitad del periodo de regeneración. Y *Abdominal-H* no se activa hasta las 72 horas, cuando la hidra ya tiene de nuevo una cabeza completa y con sus tentáculos en buena forma. Esto no está mal, pero fíjense en la siguiente complicación: si los investigadores cortan el pie en lugar de la cabeza, es también *labial* el que se activa rápidamente en la zona adyacente al pie cortado, y los otros dos genes no hacen nada destacable. En suma, los resultados parecen indicar que *labial* y *proboscipedia* tienen algo que ver con el desarrollo de la cabeza de la hidra, y que el mismo *labial* tiene relación también con la regeneración del pie. *Abdominal-B* no parece hacer nada durante las fases interesantes del desarrollo, ni en la cabeza ni en el pie. Bueno, puede que no sea para tirar cohetes, pero menos da una esponja. Lo digo porque las esponjas, familiares

primitivos de las hidras y demás metazoos de simetría radial, sólo tienen un gen de tipo más o menos Hox. Un gen no hace una fila, ni puede servir para establecer pautas, ni a lo largo de un eje ni en el curso del tiempo. La hidra, al menos, había empezado ya a jugar con los genes Hox. El Gran Salto de hidra a Urbilateria, pese a ello, sigue pareciendo un abismo evolutivo. ¿Cómo pudo ocurrir?

He aquí una pista. Olvidémonos por un momento de la hidra, de Urbilateria y del origen de las especies en su conjunto y miremos a los genes Hox como si no pertenecieran a ningún cuerpo, como si fueran entidades virtuales flotando en el espacio. Al igual que las especies animales actuales pueden compararse para deducir su historia evolutiva, los genes Hox actuales se pueden cotejar entre sí con el mismo objetivo. Aquí no tratamos de ver si un gusano y una mosca son primos cercanos o parientes distantes. Tratamos de ver si los genes *labial* y *Abdominal-B*, por ejemplo, tienen una relación familiar estrecha o no, independientemente de a qué cuerpo pertenezcan (recuerden que ambos genes pueden estar en el mismo cuerpo a la vez).

Pues bien, cuando hacemos esta pirueta en el vacío, se acabaron los saltos, grandes o pequeños. Tras centenares de comparaciones de ese tipo realizadas en varios laboratorios, podemos asegurar que todos los genes Hox forman una gran familia, y que pueden organizarse sin problemas en un árbol genealógico perfectamente convencional, gradual, parsimonioso, sin discontinuidades ni rarezas saltatorias, todos los genes Hox han evolucionado a partir de un único gen Hox ancestral mediante duplicaciones sucesivas y la divergencia gradual, cada vez, de los dos *hijos* duplicados. El gen Hox ancestral se duplicó y bifurcó para producir los precursores de *labial y proboscipedia.* Del precursor de *labial* se bifurcaron luego *labial* propiamente dicho y el precursor de *Abdominal-B.* De éste se bifurcó *Abdominal-B* propiamente dicho y el precursor de *Zen,* y así sucesivamente hasta que tenemos los ocho o diez genes de la fila Hox canónica.

¿Qué pasa entonces con el Gran Salto entre la hidra y Urbilateria? Pues que uno de los tres genes Hox de la hidra, probablemente *Abdominal-B*, experimentó con vertiginosa rapidez no uno, sino cuatro o cinco ciclos de duplicación y divergencia. La familia de los genes Hox, si se me permite la metáfora, sufrió un frenético proceso de especiación durante el Gran Salto: su propia *explosión cámbrica,* sólo que unas decenas de millones de años antes que la explosión cámbrica de verdad. Fascinante.

Ya estoy oyendo la bronca que llega desde el gallinero: ¿Cómo se puede hablar de un Gran Salto, cuando la genética subyacente nos

cuenta una historia llena de divergencia gradual y parsimonia? En el capítulo 5, cuando analizamos las incursiones de Stephen Jay Gould por los heréticos territorios de la macromutación al estilo de Goldschmidt y sus «monstruos esperanzados», ya vimos que ese argumento es una falacia: lo que necesita Darwin es gradualismo en el fenotipo, en las características externas, de modo que pueda generarse un espectro continuo de variación morfológica sobre el que pueda actuar la selección natural. Me cito a mí mismo: «Si es preciso romper el genoma en mil pedazos para que a un tigre le crezca el colmillo medio milímetro, hágase, porque eso es darwinismo puro». Por el contrario, si una pequeña mutación, por más nimia que sea desde el punto de vista genético, afecta a algún proceso básico del desarrollo y provoca por tanto una gran alteración en la forma final del animal, eso no es darwinismo. Eso es lo que Gould hubiera llamado «evolución impulsada desde dentro», promovida por la lógica interna del genoma, causada por cambios en la estrategia genética básica del desarrollo, explicada por el diseño versátil del *bauplan,* por mucho que el resultado de esos cambios sea después pulido (o descartado) por la selección natural.

Una crítica gradualista más interesante sería ésta: en el momento en que un gen Hox (pongamos el precursor de *Abdominal-B)* se duplica, los dos genes hijos (pongamos *Abdominal-B* propiamente dicho y *Zen*) son idénticos y por lo tanto no provocan ningún cambio en la forma del animal. Sólo después, durante el largo y lento proceso de divergencia entre los dos genes hijos, aquella duplicación original genera *gradualmente* estructuras distintas. Creo que éste sí es un argumento válido en principio. Lo que ocurre es que, por todo lo que sabemos de los genes Hox, que es mucho, las cosas no funcionan de ese modo. Intentaré mostrarlo a continuación.

En primer lugar, la mera acumulación gradual de mutaciones en un gen Hox no provoca cambios graduales de forma. El gen *Deformed* de Drosophila y el gen Hox-4 del ser humano, por ejemplo, tienen un origen común: el gen que ocupaba la cuarta posición en la fila Hox de Urbilateria. Durante los 600 millones de años que los linajes de las moscas y de los humanos llevan evolucionando por separado, *Deformed* y Hox-4 han ido acumulando, cada uno por su lado, una enorme cantidad de mutaciones (muchísimas más de las que podían tener en Urbilateria dos genes Hox contiguos en la fila, recién originados por la duplicación de un solo gen de la hidra). Y, pese a ello, el gen Hox-4 humano puede curar a una mosca cuyo gen *Deformed* propio haya sido inactivado en el laboratorio: los dos genes, tan diferentes cuantitativamente después de 600 millones de años de

evolución gradual, son intercambiables funcionalmente. Sin embargo, un gen de la fila (digamos el cuarto) nunca puede sustituir a otro (digamos el tercero), ni en la misma especie ni en dos especies distintas. Por todo lo que sabemos, esta diferencia esencial entre el gen tercero y el cuarto puede depender de muy pocos cambios en la secuencia de bases (o en los aminoácidos de la proteína correspondiente, véase el glosario, tal vez de un solo cambio crítico. Y lo que es más importante: esas diferencias críticas *ya debían existir en Urbilateria.* Recuerden: Urbilateria es, por definición, el último ancestro común entre la mosca y el ser humano. Puesto que tanto las moscas como los humanos contienen esas diferencias cruciales entre el gen tercero y el cuarto, y las usan para lo mismo (organizar distintas estructuras a lo largo del eje del animal), estamos forzados a concluir que las diferencias cruciales entre el gen tercero y el cuarto *ya existían en Urbilateria,* y también que Urbilateria utilizaba esas diferencias para lo mismo, para organizar distintas estructuras a lo largo del eje del cuerpo. Las diferencias cruciales entre los genes de la fila Hox no se han ido generando gradualmente a lo largo de los 600 millones de años de la divergencia animal: estaban ahí desde el principio, desde Urbilateria.

Sigo con otro argumento. Pese a la exhaustiva investigación sobre los genes Hox, ningún cambio gradual en uno de ellos se ha podido asociar a un caso de variación morfológica gradual. Como ya sospechó Bateson y demostró después Ed Lewis, las alteraciones en los genes Hox provocan saltos morfológicos cualitativos, sustituciones bruscas de una estructura corporal por una distinta que corresponde a otra parte del cuerpo: moscas con cuatro alas en vez de dos, o con ocho patas en vez de seis, patas transformadas por completo en antenas, vertebras dorsales convertidas en cervicales, etcétera. Las variaciones graduales del cuerpo, la materia prima de la selección natural darwiniana, no son cosa de la fila Hox, sino de decenas o centenares, quién sabe si miles de genes, con efectos mucho más modestos sobre el crecimiento celular, la diferenciación terminal y otros procesos cuantitativos.

¿Qué hay del territorio evolutivo intermedio? Quiero decir, ¿qué hay de los mecanismos evolutivos que ni son tan drásticos como el Gran Salto ni tan modestos como una pequeña alteración de tamaño? No hablamos ya de hacer que un colmillo crezca medio milímetro, pero tampoco de inventar de repente el *bauplan* de los artrópodos. Hablamos, por ejemplo, de diversificar el *phylum* de los artrópodos en sus varias grandes familias: miriápodos, crustáceos, arácnidos, insectos, etcétera. Bien, pues aquí los Hox sí tienen mucho que decir.

Pero cuidado: no es que las variaciones graduales de secuencia en una proteína Hox acaben provocando la bifurcación entre los crustáceos y los insectos. Ya hemos visto que eso no ocurre nunca. Todos los artrópodos tienen la misma fila Hox, y sus genes individuales son intercambiables entre una y otra familia de artrópodos. Es *la zona* del cuerpo en que se activa un gen Hox concreto la que subyace a estas bifurcaciones de familias. Gracias sobre todo al magnífico trabajo del equipo de Sean Carroll, un genetista de *Drosophila* de la Universidad de Wisconsin (Madison, Estados Unidos), sabemos hoy que se da una buena correlación evolutiva entre la zona del cuerpo en que está activo cada gen de la fila Hox y las características estructurales de esa zona del cuerpo. Simplificando mucho, podemos visualizarlo así (figura 8.2): cuando un gen Hox se expresa en un segmento dado del cuerpo, ese segmento hace dos patas. Los miriápodos (como el ciempiés) tienen activo ese gen Hox en muchos segmentos de su cuerpo, y por eso tienen tantas patas. Los insectos (como la libélula) lo tienen activo en sólo tres segmentos, y por eso sólo tienen tres pares de patas. Los detalles son mucho más farragosos, pero este simple esquema capta la esencia del asunto.

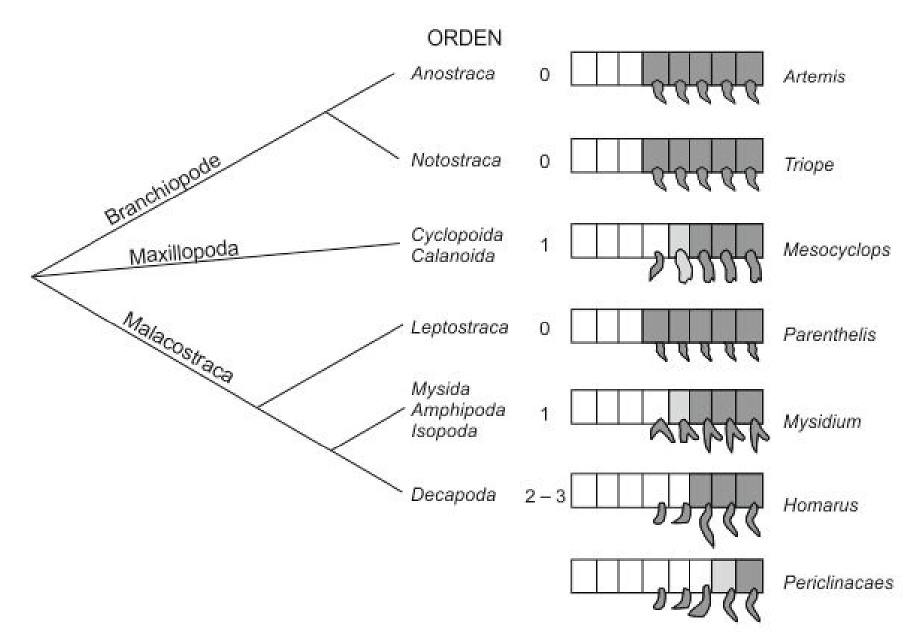


FIGURA 8.2: Las principales diferencias morfológicas entre las distintas familias de artrópodos se deben a alteraciones en las pautas de activación espacial de los genes Hox. Los sombreados representan la activación de algunos genes Hox.

La evolución de los animales sí ha jugado con los genes Hox a lo largo de los cientos de millones de años que han transcurrido desde el Cámbrico, pero ese juego no se ha basado en la acumulación de

cambios en sus proteínas (que ocurre pero no sirve de gran cosa), sino en la alteración del ADN regulador adyacente a cada gen, el ADN que le dice a cada gen dónde y cuándo tiene que activarse. Esos cambios no tienen por qué ser muy drásticos en el ADN —otra vez el gradualismo *genético* subyacente—, pero provocan de un plumazo grandes alteraciones en el diseño del cuerpo.

Podríamos seguir con argumentos de este tipo, pero no creo que sea necesario. Espero haber mostrado que las prodigiosas propiedades de la fila Hox no son el resultado de cientos de millones de años de evolución gradual. La fila Hox de los animales bilaterales se originó por duplicación y divergencia de un gen Hox de la hidra, sí, pero todo ese proceso de duplicación y divergencia estaba ya completado, en lo esencial, en el mismísimo Urbilateria. En los 600 millones de años que han pasado desde Urbilateria, la evolución ha jugado con la fila Hox, eso sí, pero sólo en las ocasiones más espectaculares, como la divergencia entre las distintas familias de artrópodos. Las diferencias entre un ratón y un ser humano no se explican sólo por alteraciones de la fila Hox. Las diferencias más drásticas, como la que existe entre los ciempiés y las libélulas, sí tienen que ver con la fila Hox, pero no con sus propiedades esenciales, sino sólo con la alteración de la zona del cuerpo en que se activa alguno de los genes Hox.

Mirando el problema desde el otro extremo (sus orígenes), es cierto que la fila Hox se formó siguiendo una receta *genética* de bifurcación progresiva, pero es muy improbable que esa receta saliera de la cocina de Darwin. Por todo lo que sabemos, la generación de repertorios continuos de variedad fenotípica (variedad en las características externas de una especie), que es la materia prima de la selección natural darwiniana, no depende de la fila Hox, sino de cientos o miles de genes de otro tipo. Así nos lo enseñó la teoría sintética de Dobzhansky y los demás neodarwinistas, y seguimos sin tener razones para dudarlo. Por lo tanto, proponer que la rápida concatenación de cuatro o cinco ciclos de duplicación y divergencia de los genes Hox estuvo guiada por la selección natural debe considerarse una hipótesis infundada, cuando no plenamente extravagante. El suceso parece más bien un espectacular ejemplo de la herejía que Gould propuso en otro contexto: la evolución promovida desde dentro, causada por la dinámica interna del genoma. La formación de la fila Hox no consiste en una mera extrapolación de pequeños ajustes darwinianos, acumulados durante miles o millones de generaciones por la acción tenaz de la selección natural. El gran paso entre los tres genes Hox de la hidra y la fila Hox de Urbilateria no es sólo la consecuencia de la selección darwiniana: en cierto modo es más bien su causa, por cuanto

esa rebelión genómica *inventó* una estrategia de diseño multicelular tan sólida y abstracta, en los fundamentos, que podía permitirse el lujo de ser versátil y detallista en la superficie. Los pinzones de las Galápagos pudieron evolucionar gradualmente por selección natural gracias a que su cuerpo está dividido en módulos por la fila Hox. De otro modo, los mismos genes cuantitativos que contorsionaron sus picos hubieran desfigurado también sus patas, sus esternones o sus corazones, con lamentables resultados para la imagen y la salud.

Los esquemas del gradualismo darwiniano no sirven para entender las asombrosas y enigmáticas propiedades de la fila Hox. Necesitamos otro tipo de idea, y la encontraremos en el siguiente capítulo.

9

Corriente abajo de los Hox

Supongamos que el programa SETI, de búsqueda de inteligencia extraterrestre, consigue por fin captar un mensaje del planeta Mongo, enviado en forma de pulsos de radiación electromagnética. Después de seis meses de intensos esfuerzos, la doctora Arroway logra descifrar el mensaje interestelar. Los monguianos no nos han enviado los planos para construir una nave hiperespacial, ni el primer tomo de una enciclopedia galáctica. No tienen tiempo para esas tonterías. Están a punto de extinguirse por agotamiento de las existencias de benzopireno —su alimento tradicional— y nos piden desesperadamente la receta biológica para metabolizar la glucosa, un azúcar del que disponen en abundancia, pero que no saben cómo usar para obtener energía celular. La doctora Arroway no tarda ni cinco minutos en responder: abre desde su ordenador personal la base de datos de Celera Genomics, descarga por cinco dólares la secuencia de los diez genes responsables de la glucólisis (la ruta metabólica que transforma la glucosa en energía útil para las células), le añade una tablita con el código genético y lo manda todo a Mongo. Los diez genes de la glucolisis codifican (contienen la información para fabricar) las diez enzimas o proteínas catalíticas que, paso a paso, rompen la glucosa en moléculas cada vez más pequeñas y obtienen a cambio ATP, la moneda de intercambio energético de todas las células vivas. No hay nada mágico en ello: los enlaces químicos que mantienen junta la molécula de glucosa contienen energía; las enzimas de la glucolisis utilizan parte de la energía liberada por la rotura de esos enlaces para formar otros enlaces: los que mantienen junta la molécula de ATP. Estas moléculas se quedan disponibles en la célula, y pueden ser utilizadas para cualquier otro proceso que precise energía. Las enzimas de la glucolisis son igual de útiles en Mongo y en la Tierra. Los monguianos dan las gracias a la doctora Arroway a vuelta de correo (las gracias llegan unos 300 años después, pero

bueno) y se ponen manos a la obra.

Pero ahora supongamos que los habitantes de Mongo son organismos diploblásticos con simetría radial y, hartos de no haber evolucionado lo más mínimo durante los últimos mil o dos mil millones de años, lo que nos piden es la recela para organizar un eje anteroposterior del cuerpo, en la esperanza de dar el ansiado Gran Salto y convertirse en algo parecido a Urbilateria. ¿Qué debe hacer ahora la doctora Arroway? ¿Enviar —además del código genético, por supuesto— la secuencia de los diez genes de la fila Hox? ¿Serviría eso de algo?

A diferencia de las enzimas de la glucolisis, que por así decir son un bien en sí mismas, la fila Hox no tiene mucho valor intrínseco. Los genes Hox no saben construir troncos ni abdómenes, ni patas ni alas ni cerebros. Los genes Hox que especifican la cabeza humana pueden curar a una mosca que haya perdido sus propios genes equivalentes, pero lo que le ponen a esa mosca no es una cabeza humana (eso sería *The Fly,* y nos habríamos saltado de película). Lo que le ponen es una cabeza de mosca. La fila Hox no sabe hacer estructuras útiles, sólo sabe ordenarlas espacialmente a lo largo de un eje. Entonces, ¿quién es el que sabe cómo hacer las estructuras? Otros genes, naturalmente. Unos pocos centenares de genes de la mosca contienen la receta para hacer una pata, otros para hacer una antena, etcétera. El ser humano tiene unos cuantos centenares de genes para construir cada parte del cuerpo. Lo que hacen los genes Hox es regular a esos otros genes, de forma ordenada a lo largo de un eje, para que cada estructura esté en el sitio correcto. Los genetistas anglosajones los llaman genes *downstream* (corriente abajo). El proceso por el que unos genes regulan a otros que a su vez regulan a otros se puede visualizar como un río, y en esa imagen los genes regulados por los Hox están *downstream* (corriente abajo) de los propios Hox. Antonio García-Bellido, en los años setenta, prefirió llamarlos genes *realizadores,* porque al fin y al cabo son los que hacen las cosas. Treinta años después, seguimos sin tener un catálogo decente de estos genes. Se conocen algunos, desde luego, pero los intentos sistemáticos de obtener una lista más o menos completa han producido resultados paradójicos o difíciles de interpretar. La doctora Arroway está en problemas.

Pero esperen un momento ¿Qué quiere decir el experimento estilo *The Fly* que acabamos de recordar? Si un gen Hox humano es capaz de curar a una mosca que ha perdido el gen Hox equivalente, una primera conclusión es que los genes Hox han conservado muy bien su función a lo largo de la evolución, como ya sabíamos. Pero hay una segunda conclusión importante: que el gen Hox humano sabe

reconocer a los genes *downstream* o *realizadores* de Drosophila. Si no, el experimento no habría funcionado. ¿Es que los *realizadores* son los mismos en la mosca y en el humano? No puede ser: los de la mosca, como hemos visto, hacen trozos de mosca, y los humanos hacen trozos humanos. ¿Qué galimatías es éste?

Los genes tienen dos partes (véase el glosario). Una es la codificadora, la que contiene la información para fabricar una proteína. Ésta debe ser distinta en (al menos) algunos *realizadores* humanos y de mosca. Otra es la parte reguladora, que está al lado de la anterior. Cuando una proteína Hox se pega a la parte reguladora de un gen *realizador,* éste se activa y empieza a fabricar la proteína *realizadora* correspondiente. Pues bien, si el mencionado gen Hox humano es capaz de curar a nuestra famosa mosca mutante, estamos forzados a concluir que, aunque los genes *realizadores* deban ser (al menos en parte) distintos en las dos especies, sus zonas reguladoras deben ser muy parecidas. La evolución no sólo ha respetado a los genes Hox, sino también buena parte de las zonas reguladoras de los centenares de genes *downstream* o *realizadores* controlados por los genes Hox. Cuando un linaje de dinosaurios empezó a transformar sus patas delanteras en alas, debió alterar las zonas codificadoras de los genes *realizadores* pertinentes, pero lo más probable es que no tocara mucho las zonas reguladoras de esos mismos genes. De otro modo, vaya usted a saber dónde tendrían las alas los pájaros actuales.

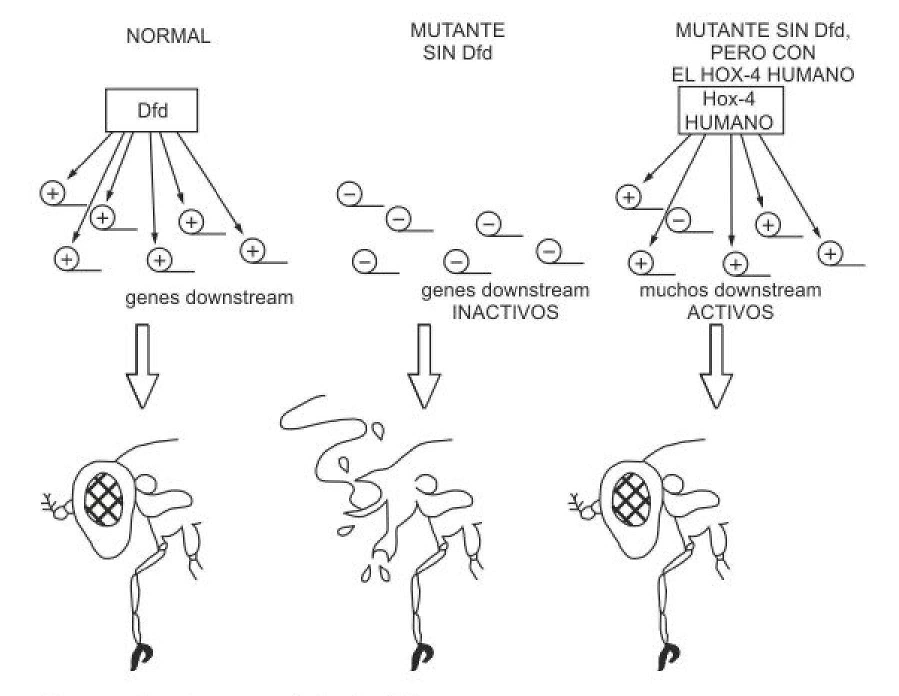


FIGURA 9.1: Las mutaciones en el gen *Deformed (Dfd)* causan fatales defectos en la cabeza de la mosca (representadas aquí de forma alegórica). El equivalente humano del gen *Deformed,* que se llama *Hox-4,* es capaz de rescatar a la mosca mutante. Ello no sólo implica que los genes Hox están extraordinariamente conservados a lo largo de la evolución, sino que sus genes *downstream* también lo están en gran medida.

Quizá ahora podamos sugerirle una idea a la doctora Arroway. ¿No había dicho ella que los seres de Mongo eran organismos diploblásticos, similares a nuestras hidras, medusas y anémonas? Sí, eso dijo. Entonces es posible que los monguianos tengan ya un par de genes Hox, o algo parecido. Nuestras hidras tienen tres, aunque no los usan para ordenar estructuras en un eje. Los genes Hox de los habitantes de Mongo pueden ser muy diferentes de los terráqueos, o tal vez hasta pertenezcan a una familia molecular completamente distinta, pero no importa. El mensaje que tiene que enviar a Mongo la doctora Arroway no es la secuencia de la fila Hox terráquea, sino esta idea: «Tomen uno de sus genes Hox diploblásticos y sométanlo a varios ciclos de duplicación y divergencia». ¿Serviría eso de algo? ¿O no serviría de nada sin los genes *realizadores* necesarios, que no sabemos exactamente cuáles son?

Volvamos al planeta Tierra. Hemos visto que el brusco origen de Urbilateria debe estar íntimamente relacionado con la concatenación

explosiva de cuatro o cinco duplicaciones y divergencias consecutivas de un gen Hox que ya tenían las hidras primitivas. Esto no es un mecanismo darwiniano, pero al menos es un mecanismo concebible. Pero ¿es que además tenemos que inventarnos toda una red de centenares de genes *downstream* cada vez que ocurre una nueva duplicación? Eso sí que no. Eso, encima de no ser darwiniano, ni siquiera es concebible. Una cosa es duplicar un gen, y otra muy distinta sacarse del sombrero un centenar de genes *downstream* que se pongan de repente bajo el control del nuevo gen duplicado, y encima que actúen coordinadamente para hacer algo útil, y para colmo cuatro o cinco veces seguidas en un plazo evolutivo miserable. No puede ser y se acabó.

En mi opinión, sólo hay una salida a esta paradoja: cada vez que se genera un nuevo gen Hox, debe heredar íntegramente el paquete de genes *downstream* de su antecesor. No hace falta que estos genes se dupliquen. Simplemente, los mismos genes *downstream* que antes respondían a un gen Hox ahora responden a dos. Por eso la red realizadora de cada nuevo gen funciona coordinadamente como si fuera un milagro: porque ya lo hacía antes. Y esto incluye a las primeras duplicaciones Hox que ensayaron las hidras. Es decir, que las múltiples redes de genes *downstream* de Urbilateria —los realizadores que Urbilateria despliega a lo largo de su cuerpo para fabricar sus distintas estructuras— deben ser, en buena medida, los mismos genes *downstream* que ya estaban regulados por los escasos y extravagantes genes Hox de la hidra. Genes, según vimos, aparentemente relacionados con la diferenciación de la cabeza de la hidra, con la regeneración, con la proliferación celular, con el hecho de que una célula sepa dónde está respecto a las demás y, en caso de accidente, active el programa para reponer las partes perdidas: en fin, con los procesos más elementales del desarrollo de cualquier animal. Urbilateria generó con vertiginosa rapidez una fila de ocho o diez genes Hox, pero el precio de esa rapidez fue que, *corriente abajo* de cada uno de ellos, no tenía más remedio que aparecer tozudamente la misma red de genes *realizadores* de la hidra. O casi la misma. ¿Adónde nos lleva esto?

Todos los animales somos en gran medida metaméricos: compuestos de metámeros, o unidades que se repiten a lo largo del cuerpo. Nuestras vértebras y costillas, y los nervios y músculos asociados a ellas, reflejan con claridad esta organización. El cerebro no la revela a simple vista, pero también la utiliza, según han descubierto los genetistas en los años noventa. Se trata de un principio de desarrollo muy lógico para construir un cuerpo grande, o un

cerebro grande: en vez de andar improvisando aquí y allí soluciones únicas y originales, se repite diez o veinte veces un esquema básico y luego se elaboran variaciones sobre él. Desde su origen, la vida se basa en copiar cosas, en aprovechar soluciones preexistentes, y el metamerismo es una manifestación más de esa estrategia elemental. Los artrópodos (ciempiés, gambas, nécoras, arañas, insectos) revelan su metamerismo con mucho más descaro que nosotros, los disimulados vertebrados. La organización del cuerpo en segmentos más o menos repetitivos salta a la vista en los artrópodos. Hay varias formas concebibles de generar un cuerpo metamerizado, y los distintos animales usan una u otra al comienzo de su desarrollo embrionario. Pero me gustaría que ahora nos fijáramos en un insecto como la langosta, que se metameriza de la manera siguiente.

Las células se replican muy activamente en una zona del embrión. Al hacerlo, van empujando hacia atrás a las células que ya se han dividido un rato antes. Cuando, debido a ese empuje, las células llegan a una distancia dada de la zona de proliferación, se adhieren fuertemente unas a otras y forman una frontera, que será el futuro borde de un segmento de la langosta. La división sigue en la zona de proliferación, las células ya divididas siguen siendo empujadas hacia atrás y, cuando llegan a cierta distancia, forman otra frontera que será otro borde de segmento, y así sucesivamente. En cada segmento recién formado (o en un grupo de segmentos) se activa un gen Hox distinto, siguiendo el orden inviolable de la fila. Eso es lo que después distinguirá las estructuras en unos segmentos y en otros.

¿A qué les recuerda esto? A la regeneración de la cabeza de la hidra, ¿no es cierto? Cuando se le corta la cabeza a este animal diploblástico, la células empiezan a proliferar, luego se activa el gen Hox *labial,* las células siguen proliferando, luego se activa el gen Hox *proboscipedia* y… se acabó. Ya no hay más genes Hox que prolonguen el proceso. ¿Qué papel cumplen esos genes Hox en la hidra? No lo sabemos, pero no hay que ser Sherlock Holmes para inferir que regulan a otros genes *downstream,* y que estos genes se ocupan de funciones relacionadas con las tasas de proliferación, la cohesión entre células, el cálculo de la distancia al corte y a la zona de proliferación, etcétera: los fundamentos genéticos para construir un metámero ya están ahí. Urbilateria se limitó a encontrar un truco para repetir ese proceso una decena de veces, y logró así que su cuerpo estuviera compuesto de una decena de metámeros. Proliferación, *labial,* proliferación, *proboscipedia* y… donde la hidra ya no tenía más genes Hox, Urbilateria se inventó por mera duplicación una fila entera. La metamerización del embrión de la actual langosta todavía delata en

parte aquella plagiaria invención precámbrica. Bien, esto es una idea, pero no se la tomen muy en serio: es mía.

Todavía hoy, las redes de genes *realizadores* controlados por unos y otros genes Hox guardan bastantes parecidos. Ésta es, de hecho, una de las razones por las que definir los catálogos de *realizadores* está resultando tan difícil. Los mismos genes aparecen una y otra vez debajo de *Ultrabithorax* y de *Abdominal-A,* por ejemplo. Las diferencias entre una y otra zona del cuerpo no se deben a menudo a que los genes *downstream* sean muy distintos, sino a que los mismos genes se activan en diferentes grados, o a diferentes tiempos. Las diferencias entre unas zonas del cuerpo y otras, con todo lo espectaculares que puedan resultar a simple vista, son a veces una sutileza desde un punto de vista genético. Ésta es otra manifestación de lo que podríamos denominar *efecto Gould-Goldschmidt*: pequeñas alteraciones genéticas que provocan grandes cambios morfológicos. Estas similitudes entre los *realizadores* de distintas partes del cuerpo son un testimonio vivo de su origen común.

Ya estoy oyendo la protesta de los habitantes de Mongo. «Doctora Arroway», se quejará el portavoz de los monguianos, «su idea de duplicar los genes Hox es muy brillante, pero si los genes *downstream* de cada nuevo gen Hox son los mismos, lo único que vamos a conseguir es metamerizarnos, es decir, convertir nuestro cuerpo en una ristra de estructuras repetitivas que, si se mira bien, no aportan ninguna novedad a nuestro actual repertorio de ideas biológicas, que es más bien escaso. Cada nuevo monguiano bilateral no tendrá nada que no tenga ya un club de diez monguianos diploblásticos». La queja es sensata. Y, por el momento, lo único que la doctora Arroway puede responder es: «Ya tienen ustedes la materia prima. A partir de ahí, recuperen su fe en Darwin». Bueno, seguramente habrá un equivalente a Darwin en el planeta Mongo: alguien cuyas ideas sobre la evolución habrán suscitado en aquel planeta el comentario: «¡Qué increíblemente estúpido no haber pensado en ello!». He aquí un reto para los escritores de ciencia ficción: ¿Cómo sería el primer contacto con una civilización extraterrestre en la que no hubiera nacido el equivalente de Darwin? ¿Qué información podríamos intercambiar con unos monguianos que siguieran creyendo que Dios ha creado a cada especie en un acto magnífico? Bueno, dejen esos deberes para más tarde. Ahora debemos afrontar otro problema científico.

Si los genes *downstream* de los genes Hox eran en su origen (y en gran medida siguen siendo) esencialmente los mismos para todos los genes Hox, ¿de qué fuente de variabilidad disponemos para jugar a las casitas con el primitivo Urbilateria? No olvidemos que, en unas pocas

decenas de millones de años, el barajado de esta arquitectura genómica de Urbilateria va a tener que dar lugar a la explosión cámbrica. El tiempo es nuestro enemigo, y nos conviene dejar a Urbilateria tan preparado como sea posible para la vida moderna (para la *futura* vida moderna), o a no mucho tardar nos acabaremos pillando los dedos. ¿Qué podemos decir sobre esta importante cuestión?

En los animales actuales, las principales diferencias funcionales entre unos genes Hox y otros son de afinidad por los genes *downstream.* Expresémoslo con más exactitud: las proteínas Hox se pegan (en gran medida) a los mismos genes *downstream,* pero unas se pegan con más fuerza y otras con menos. Hay un enjambre de datos bioquímicos que apuntan hacia esta conclusión, pero la demostración más elegante de este fenómeno fue producto de una colaboración establecida a finales de los años ochenta entre los laboratorios de Gary Struhl, de la Universidad de Columbia en Nueva York, y de Ginés Morata en Madrid. Como hemos dicho, los genes de la fila Hox se activan en una pauta arquetípica a lo largo del eje anteroposterior, respetando la colinearidad entre el orden de los genes en la fila y la zona del cuerpo en que se activan, de cabeza a cola. Los dos laboratorios mencionados empezaron a manipular los genes en la mosca *Drosophila* para alterar esas pautas de activación, y descubrieron un principio sorprendente (figura 9.2).

Cuando dos genes Hox se activan (artificialmente) en la misma zona del cuerpo, el único que parece funcionar es el más posterior. Por ejemplo, *Ultrabithorax* se activa normalmente en el primer segmento abdominal, y *Abdominal-A* lo hace en el segundo segmento abdominal. Pues bien, si provocamos artificialmente que los dos genes se activen en ambos segmentos, obtenemos dos *segundos* segmentos abdominales. En el primero, donde normalmente sólo está activo *Ultrabithorax,* la activación anormal de *Abdominal-A* impone su lógica y fabrica una cosa que tiene la forma exacta del segundo segmento abdominal, en lugar del primero. Sin embargo, en el segundo segmento abdominal, donde siempre está activo *Abdominal-A,* la activación anormal de *Ultrabithorax* no tiene el menor efecto: el segundo segmento abdominal forma una cosa con la forma exacta… del segundo segmento abdominal. La presencia simultánea de las dos proteínas Hox se resuelve siempre a favor de *Abdominal-A,* el gen más posterior en la fila. La conclusión es universal: siempre que dos proteínas Hox coinciden en la misma zona del cuerpo, la proteína más *posterior* se lleva el gato al agua e impone su lógica. Morata llamó a este efecto *supresión fenotípica,* pero no se preocupen por eso, porque es muy raro

que un término inventado por un científico español acabe llegando a los libros de texto (a veces piensa uno que por fortuna).

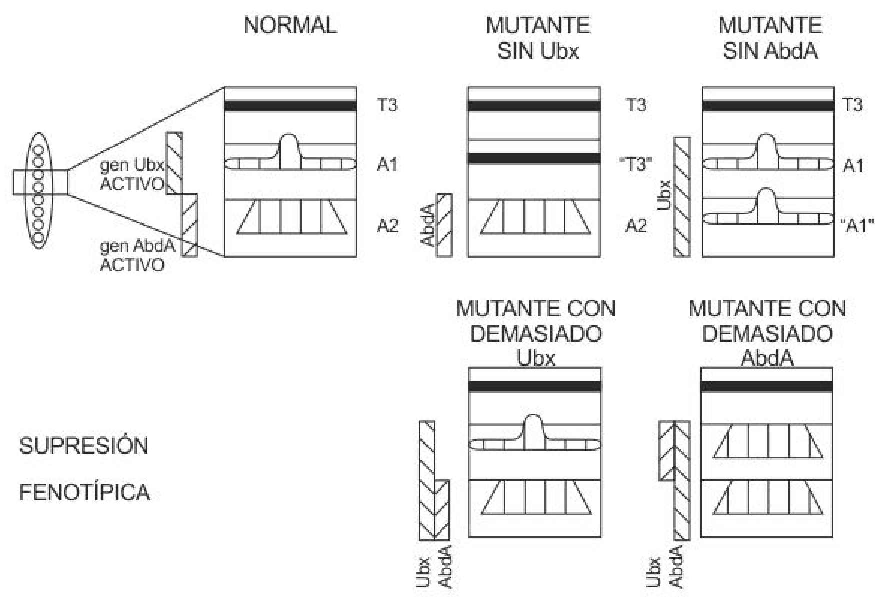


FIGURA 9.2 La supresión fenotípica es la demostración más elegante de que los genes de la fila Hox comparten en gran medida las mismas haterías de genes *downstream.* Aquí se ilustra la supresión fenotípica en tres segmentas de la larva de *Drosophila:* el tercer segmento torácico (T3), el primer segmento abdominal (A1) y el segundo (A2). El gen Hox posterior *(Abdominal-A, Abd-A*) gana al anterior (*Ultrabithorax, Ubx)* en la competición por los mismos genes *downstream.*

¿Qué nos está diciendo el sorprendente principio de la *supresión fenotípica?* Pues lo que les prometí antes: que los genes *downstream* son esencialmente los mismos para todos los genes Hox, y que la diferencia esencial entre una proteína Hox y otra es la afinidad relativa por esos genes *downstream.* Cuanto más posterior es un gen Hox, más afinidad tiene (su proteína) por la hatería compartida de genes *downstream* o *realizadores.* Ahora se explica que las duplicaciones sucesivas de los genes Hox que dieron lugar a Urbilateria divergieran con tal facilidad para generar una fila de genes Hox funcionalmente diferentes: casi cualquier pequeño cambio, posiblemente una sola letra del ADN que diera lugar a un solo cambio de aminoácido en la proteína Hox duplicada, podía valer para alterar significativamente su afinidad por los genes *downstream.*

¿He dicho «alterar»? Déjenme ser más preciso: los cambios que se impusieron en cada nueva duplicación tuvieron casi siempre el efecto de *aumentar* la afinidad respecto a la situación anterior (y digo «anterior» tanto el sentido temporal como en el espacial de esta palabra). Si miramos con atención el árbol genealógico de Brigitte

Galliot veremos que el gen *Zen* (posición 3, baja afinidad) dio lugar por duplicación y divergencia a un gen más posterior (posiciones 4/5, afinidad algo más alta), que a su vez dio lugar a otro gen más posterior (posiciones 6/7/8, afinidad aún más alta), etcétera. Este proceso, por muy rápido que ocurriera, posee un inequívoco aire darwinista (aunque no aplicado a los organismos, sino a los genes): una vez duplicado un gen Hox, las únicas mutaciones que prosperaron en la copia fueron *las que aumentaban un poco la afinidad* por los genes realizadores compartidos. Esto huele a Darwin que apesta. Presumiblemente, la mayoría de las mutaciones en la copia tenían más bien el efecto contrario, el de reducir la afinidad por los *downstream* (es mucho más fácil empeorar una situación que mejorarla), pero estas mutaciones no prosperaron porque no aportaban nada útil. Sólo las mutaciones que aumentaban la afinidad prosperaron en cada paso. Tiene gracia: hemos descubierto a Darwin en el mismo corazón del proceso explosivo que dio origen a Urbilateria, uno de los acontecimientos evolutivos más reacios a aceptar una explicación darwiniana de cuantos han acontecido en la historia de la vida.

Nos queda por explicar un aspecto crucial. Si los genes realizadores de Urbilateria eran esencialmente los mismos en muchas zonas del cuerpo, y si la diferencia entre los recién creados genes Hox era sólo de afinidad por los genes realizadores, ¿tenía Urbilateria un auténtico repertorio de diferentes estructuras a lo largo del cuerpo? ¿O era poco más que una lombriz segmentada capaz de aburrir a una oveja que la recorriera de cabeza a cola? Dan ganas de pensar lo segundo, pero debemos refrenarnos un poco. Hemos repetido machaconamente que Urbilateria es, por definición, el último antecesor común de los distintos linajes de animales bilaterales (artrópodos, moluscos, vertebrados, etcétera), y por lo tanto debía poseer ya las propiedades complejas que esos linajes comparten en la actualidad. La convergencia evolutiva puede explicar que los pájaros y los murciélagos hayan inventado independientemente unas alas similares en apariencia y función, pero no que *todos* los animales compartamos una lógica tan básica, profunda y abstracta como la de la fila Hox. Pues bien, recordemos que los animales no sólo compartimos la fila Hox, sino que todos la usamos para lo mismo: ordenar nuestras distintas estructuras a lo largo del eje del cuerpo. Si Urbilateria no tuviera más que un metamerismo repetitivo y aburrido), el uso de la fila Hox para ordenar estructuras diferentes en un eje sería una genialidad inventada después por cada linaje bilateral, y tendría que haberse inventado independientemente en los artrópodos, los moluscos, los vertebrados, etcétera. Habría que ejecutar verdaderas

contorsiones teóricas para justificar una hipótesis tan extravagante, lo más sensato es suponer que Urbilateria utilizaba ya su fila Hox para ordenar estructuras *distintas* a lo largo de su eje anteroposterior, y que todos los animales han heredado de él esa estrategia tan eficaz. De ahí el problema al que nos enfrentamos ahora.

Ésta es una paradoja difícil de resolver en el momento actual, pero creo que al menos podemos demostrar que no se trata de un problema insalvable. Supongamos que la proteína Hox original tenía, por decir un número, cien genes *downstream.* Su afinidad por todos ellos no sería exactamente la misma, por supuesto. Las regiones reguladoras de los genes *downstream* están hechas de letras de ADN, y un cambio de una sola letra puede tener efectos notables en la avidez con que la proteína Hox se pega a la región reguladora (esto no es una hipótesis conveniente, sino un hecho comprobado). Añadamos que las proteínas Hox no están solas en el mundo. En cada célula hay muchas proteínas que se pegan al ADN, y muchas de ellas compiten por los mismos sitios reguladores en el ADN. Nos basta con una de ellas: una sola proteína, tal vez vagamente similar a la propia proteína Hox original, que compite con ésta por los genes *downstream.* Llamémosla proteína Bill Gates.

Ahora ejecutemos la explosión de duplicaciones y divergencias que crean la fila Hox de Urbilateria, y añadamos que la proteína Bill Gates está por todas partes, indiferente a los acontecimientos evolutivos que la rodean. La proteína Hox más posterior tiene (como vimos antes) una afinidad muy alta por los genes *downstream y* se pega a todos ellos sin problemas. Bill Gates está ahí también, pero no tiene nada que hacer. Las proteínas Hox centrales, de afinidad intermedia, pierden con Bill Gates en la batalla por algunos genes *downstream* (aquéllos menos afines a la proteína Hox original), aunque ganan en muchos otros casos. Cuanto más anterior la proteína Hox, más genes *downstream* entrega a la avidez ciega de Bill Gates. Es una mera hipótesis, pero demuestra que no hay ningún argumento de principio contra la idea de que Urbilateria disponía ya de una variada gama de estructuras a lo largo de su eje anteroposterior. Aunque los cien genes *downstream* fueran exactamente los mismos para todos los genes Hox de Urbilateria, el subconjunto de genes *downstream* activos en cada zona del cuerpo podría perfectamente ser distinto. La hipótesis concreta que acabamos de ver predice que ese subconjunto sería mayor cuanto más atrás en el cuerpo, pero es obvio que hay otras formas de organizar el modelo.

Apurando, podemos incluso sugerirle a la doctora Arroway un candidato a gen Bill Gates, por si fuera de utilidad en Mongo. En

Drosophila, Bill Gates se llama *extradenticles* (en otros animales recibe otros nombres, pero es esencialmente el mismo gen). El gen *extradenticles* está activo por igual en todo el cuerpo. No es un miembro de la fila Hox, pero tiene cierta relación familiar con éstos, y seguramente puede competir con ellos por los genes *downstream.* Y lo que es más importante: si se inactiva experimentalmente *extradenticles,* todos los genes Hox parecen volverse locos y ya no saben distinguir bien las propiedades específicas de cada uno, con desastrosos resultados para el embrión. En ausencia de un competidor, incluso las proteínas Hox con menos afinidad por los genes *downstream* logran pegarse a todos ellos. Insisto en que esto no es más que una idea.

Por lo que a mí respecta, sin embargo, Urbilateria ya puede salir nadando por las profundidades de los océanos precámbricos. Transmítalo a Mongo, doctora Arroway.

10

Un paseo con vistas

Los creacionistas adoran los ojos. No sólo porque sean obra de Dios, ni tampoco —cabe suponer— por lo mucho que les ayudan a comprender el mundo. La razón real es una famosa frase de Darwin, redactada en un momento de aparente bajón e incluida en el capítulo de *El origen de las especies* dedicado a las dificultades de la teoría:

> Suponer que el ojo, con todos sus inimitables dispositivos para ajustar el foco a diferentes distancias, para admitir diferentes cantidades de luz, y para la corrección de las aberraciones esférica y cromática, pueda haberse formado por selección natural parece —lo confieso espontáneamente— absurdo en el mayor grado posible.

¿Qué más puede desear un creacionista? Richard Dawkins, que opina que el autor del *Origen* «cedió demasiado cuando se echó atrás para admitir la dificultad de la evolución del ojo», se ha quejado con razón de que los creacionistas siempre interrumpen la cita en ese punto, así que me apresuro a añadir la frase que Darwin escribió tres líneas más abajo:

> [Pero] la razón me dice que si se puede demostrar que existen muchas gradaciones, desde un ojo sencillo e imperfecto a un ojo completo y perfecto, siendo cada grado útil al animal que lo posea, como ocurre ciertamente; si además el ojo alguna vez varía y las variaciones son heredadas, como ocurre también ciertamente; y si estas variaciones son útiles a un animal en condiciones de vida cambiantes, entonces la dificultad de creer que un ojo perfecto y complejo pudo formarse por selección natural, aun cuando insuperable para nuestra imaginación,

apenas puede considerarse real.

El asombro de Darwin se hubiera multiplicado hoy por cincuenta, que es el número aproximado de veces que, según calculan los zoólogos contemporáneos, han evolucionado los ojos de manera independiente en unos u otros linajes de animales bilaterales. Pero es mejor ver la cuestión desde el ángulo opuesto y afirmar que la depresión de Darwin se hubiera aliviado en el mismo factor cincuenta, ya que, si un proceso complejo ha ocurrido con semejante profusión a lo largo de la historia, cabe concluir que los mecanismos evolutivos deben ser capaces de promoverlo con notable facilidad. Lo cierto es que los ojos —las cincuenta evoluciones del ojo— conforman hoy uno de los argumentos más convincentes que la ortodoxia darwinista puede aducir sobre el poder de la selección natural para convertir gradualmente lo simple en complejo.

Una de las objeciones antidarwinistas más clásicas es el llamado problema de la *preadaptación.* Aduce que una estructura compleja no ha podido evolucionar paso a paso por selección natural, puesto que la décima parte de esa estructura no sirve para nada, y por lo tanto nunca hubiera llegado a prosperar. Si el primer paso (la *preadaptación*) no se impone en la población, el segundo paso nunca puede llegar a ocurrir. El problema de la *preadaptación* es un argumento interesante y muy discutido por los evolucionistas teóricos, pero naufraga irremisiblemente en el caso del ojo: la décima o incluso la centésima parte de un ojo sí sirve para algo, y se pueden reconstruir y documentar rutas graduales más que admisibles para la generación histórica de estos asombrosos dispositivos biológicos.

La mera sensibilidad a la luz es un problema bioquímico fácilmente abordable, debido a que numerosas moléculas orgánicas muy comunes pueden excitarse energéticamente al recibir un fotón. La antiquísima fotosíntesis se basa en último término en esa clase de moléculas. Los tipos más primarios de respuesta a la luz —acercarse o alejarse de ella, principalmente— eran ya usados con liberalidad por las bacterias, los protistas (eucariotas unicelulares) y algunos organismos diploblásticos mucho antes de que Urbilateria entrara en escena en las postrimerías del precámbrico. Los zoólogos evolutivos suelen partir de esos modestos orígenes para elaborar modelos graduales ascendentes en los distintos linajes de animales bilaterales que han desarrollado ojos, a veces extraordinariamente complejos: tras los primeros ajustes bioquímicos, las moléculas fotosensibles, o pigmentos, se van agrupando con el paso del tiempo en capas apiladas hasta formar un tipo de célula llamada fotorreceptor, especializada en captar luz con

eficiencia, que de un modo u otro puede acabar asociándose con un nervio. Los fotorreceptores aumentan gradualmente en número hasta formar una capa celular, que más adelante en el linaje del animal se curva para poder discriminar de qué dirección proviene la luz. Generaciones más adelante, cualquier masa transparente y más o menos redondeada hace las funciones de una lente rudimentaria (precursora del cristalino) que después se va perfeccionando a lo largo de miles de generaciones. Entonces pueden empezar a evolucionar mecanismos progresivamente más refinados para enfocar el cristalino, regular el paso de luz (pupila), mover el ojo, etcétera. En *Escalando el monte improbable,* Richard Dawkins desarrolla inmejorablemente estos argumentos.



FIGURA 10.1: Evolución gradual del ojo.

La lista de tareas a la que se enfrenta la selección natural para construir un ojo es larga y tediosa, pero puede descomponerse sin mucha dificultad en *subrutinas* graduales, y cada paso hipotético se ha documentado bien en los animales actuales, que despliegan convincentes gamas de complejidad creciente (puedan o no ordenarse

en un solo linaje). Lo más importante, como hemos dicho más arriba, es que cualquier modesto inicio de cada *subrutina,* o cualquier pequeña mejora en ella, supone una ventaja obvia para su portador. Ver un poco siempre es mejor que no ver nada, y después nunca estorba un poco más de nitidez. La evolución de los ojos es por esa razón un caso de estudio óptimo para mostrar a la selección natural en acción.

Un aspecto importante revelado por la zoología comparada es que no hay una forma única de resolver cada problema de la visión, y los distintos animales bilaterales hemos utilizado una u otra estrategia evolutiva para abordarlos. Por ejemplo, los peces, los anfibios y algunos reptiles cambian el foco desplazando el cristalino atrás y adelante, mientras que los demás reptiles, las aves y los mamíferos lo hacemos deformando el cristalino para volverlo más plano o más redondeado. Las dos soluciones funcionan muy bien, pero los músculos implicados han debido seguir rutas evolutivas muy diferentes. Otro ejemplo: en algunos gusanos, el cristalino ha evolucionado a partir de una masa vítrea cuya función original era proteger a la retina, mientras que en otros grupos lo ha hecho mediante un engrosamiento de la córnea.

Todas esas variaciones, con ser notables, palidecen junto a la extravagante invención de los insectos y los crustáceos: el ojo compuesto. Mientras la mayoría de los linajes animales nos dedicábamos a perfeccionar un ojo con una sola lente y una sola retina, los ancestros de los insectos optaban por un dispositivo compuesto por cientos o miles de *ojos* (omatidios) relativamente independientes, cada uno con su propia lente y su propio juego de fotorreceptores. Cada omatidio capta una pequeña parte del mundo que rodea al insecto, y el cerebro de éste ensambla luego esa información para generar una imagen pixelada, no muy distinta de la cara de un policía emitida en un telediario. La mayoría del mundo bilateral ha resuelto los retos de la visión a fuerza de jugar con la óptica, una disciplina simple y eficaz, pero los insectos han preferido introducirse en el pantanoso terreno de la computación digital, con estrategias evolutivas retorcidas, resultados desiguales y una resolución de imagen cuando menos discutible. Aun así, el ojo compuesto ha evolucionado, independientemente del de los insectos, en algunos moluscos bivalvos (primos del mejillón). En fin, allá ellos.

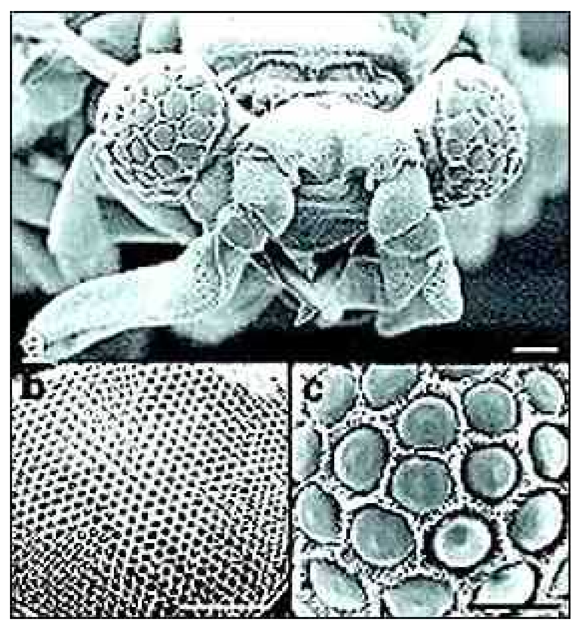


FIGURA 10.2: El ojo compuesto es una extravagante invención evolutiva de los artrópodos.

Hemos visto que la ortodoxia darwinista sufre con los sucesos bruscos, discretos, sin intermediarios y que sólo han ocurrido una vez en la historia, como el origen de la célula eucariota y la aparición de Urbilateria. Los ojos representan el caso exactamente contrario: han evolucionado muchas veces de forma independiente, con soluciones muy distintas, y el proceso ha dejado cada vez numerosos testimonios actuales de su carácter gradual y de sus frecuentes y progresivas ramificaciones en el espeso árbol de la vida animal. Eso es lo que uno espera del mecanismo darwiniano de la selección natural: que explore con profusión y parsimonia muchas ramas divergentes, que revele una facilidad natural para crear rutas graduales alternativas, que sea capaz de enfrentarse a cada problema particular planteado por el entorno y la competencia con una historia convincente de mejoras acumulativas. Pese a las tribulaciones de Darwin, la evolución plural de los ojos ha escrito una bella y sólida historia darwinista.

Y, sin embargo, la genética —otra vez— ha venido a sumergir esta arcadia ortodoxa en las brumas de una nueva paradoja. Algunas personas padecen una enfermedad genética, llamada *Aniridia*, que afecta al desarrollo del ojo. La *Aniridia* es muy similar a una enfermedad genética del ratón llamada *smalleye* (ojo pequeño). Y en la mosca se conoce desde hace tiempo una mutación denominada *eyeless* (sin ojos), que reduce el tamaño del ojo en las versiones más débiles y lo elimina por completo en las más fuertes. Hasta ahí nada raro. Aunque hayan evolucionado independientemente, los ojos de

cualquier animal deben formarse, por supuesto, dirigidos por numerosos genes, y nada tiene de particular que cualquier especie sufra mutaciones en cualquiera de ellos que afectan al desarrollo de ojo. Las moscas y los humanos, como cualquier otro animal, también sufren diversas mutaciones que reducen el tamaño de su cuerpo, y nadie se sorprende por ello. Pero el grupo de Walter Gehring, de la Universidad de Basilea en Suiza, demostró en 1994 que las enfermedades genéticas *Aniridia* (humanos), *smalleye* (ratones) y *eyeless* (moscas) se deben a mutaciones en el mismo gen. Llamaremos a ese gen *eyeless,* como los genetistas de *Drosophila,* aunque los especialistas en otras especies prefieren denominarlo *Pax-6.*

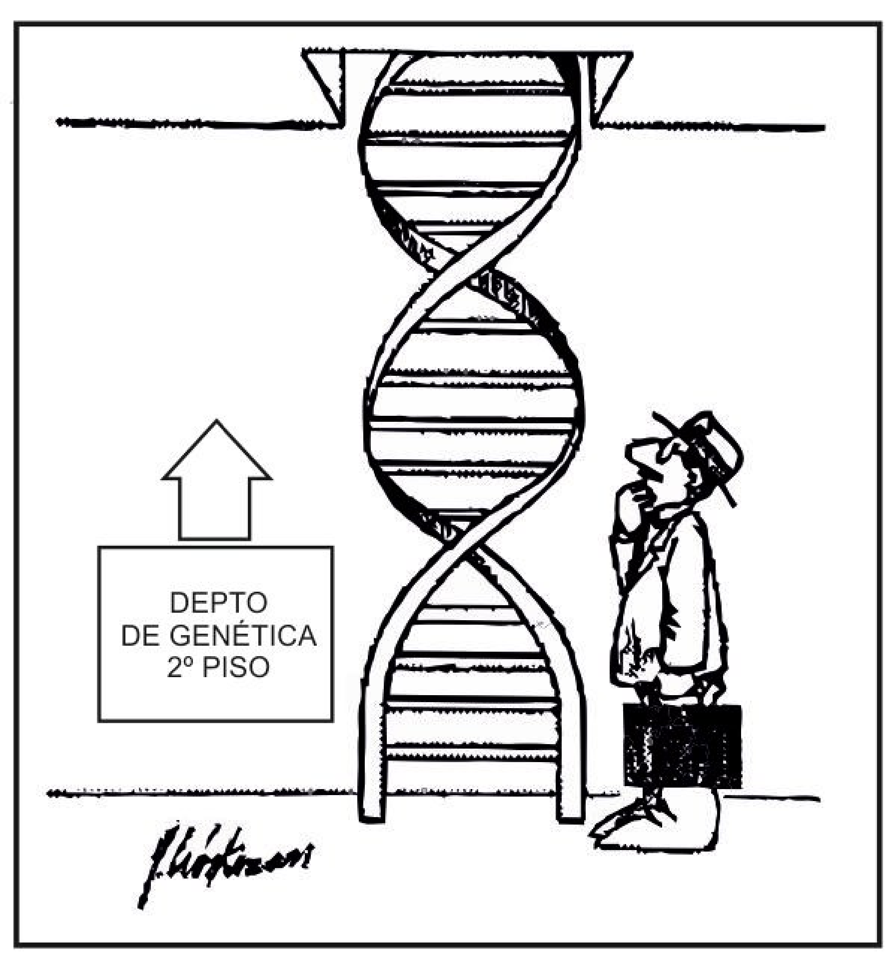


FIGURA 10.3: Cuando la genética mete el hocico, hasta subir un simple piso puede plantear paradojas.

El gen *eyeless* es esencial para el desarrollo del ojo en todos los animales en los que este problema se ha podido examinar. Como de

costumbre, y puesto que *eyeless* existe y cumple la misma función en artrópodos como la mosca y en vertebrados como nosotros, no hay más remedio que inferir que ya existía, y cumplía la misma función, en el precursor evolutivo de ambos, Urbilateria. En *Drosophila,* los genetistas pueden provocar que el gen *eyeless* se active en lugares incorrectos y, cuando hacen esto, la mosca desarrolla un ojo completo (y hasta funcional, al menos en parte) allí donde el gen se ha activado artificialmente, sea en las alas, las patas o las antenas. Esto es muy importante.

Que el fallo en un gen estropee el ojo sólo quiere decir que ése es uno de los muchos genes que intervienen en el desarrollo del ojo. Pero si la activación incorrecta del mismo gen *genera* un ojo en un lugar extraño, lo más probable es que ese gen sea el regulador esencial del proceso; un gen que regula a decenas, si no a centenares, de otros genes necesarios para la formación del ojo. Y efectivamente así es. La proteína fabricada por el gen *eyeless* (la proteína *eyeless*) tiene la propiedad de pegarse a muchos otros genes implicados en el desarrollo del ojo, y de activarlos en consecuencia: son los genes *downstream* del gen *eyeless,* que en esto se comporta de modo similar a los genes de la fila Hox. De hecho, *eyeless* tiene una *homeobox,* al igual que los genes Hox, y ya sabemos que esa secuencia de 180 letras en el ADN codifica (se traduce en la proteína como) un segmento de aminoácidos con la propiedad de pegarse a baterías completas de genes *downstream* para activarlos o reprimirlos.

Otro descubrimiento importante es que el gen *eyeless* de los ratones o de los humanos es también capaz, cuando se añade artificialmente al cuerpo de la mosca, de generar ojos allí donde se le ha forzado a activarse: no ojos humanos, desde luego, sino ojos de mosca. Como ya vimos en el caso de la fila Hox, esto indica que no sólo la función del gen *eyeless* se ha mantenido intacta desde su primera utilización en Urbilateria, hace 600 millones de años, sino que también la red de genes *downstream* se ha conservado en gran medida intacta en todos los animales. De otro modo, el gen humano no lograría hacer un ojo en la mosca.



FIGURA 10.4: La activación del gen *eyeless* en lugares erróneos causa la aparición de un ojo completo (en la antena, en este caso), y parcialmente funcional.

La sorpresa mayúscula acabó de redondearse en septiembre de 2000, cuando Carl Neumann y la gran genetista y premio Nobel Christiane Nüsslein Volhardt, del Instituto de Biología del Desarrollo Max Planck en Tubingen (Alemania), elucidaron en un vertebrado (el pez cebra) los fascinantes detalles del proceso. Los pasos esenciales de la formación del ojo se conocían ya muy bien en la mosca. La estrategia disparada por el gen *eyeless* empieza por inducir la conversión de una fila de células de la piel en neuronas de la retina. En esas primeras neuronas se activa un gen llamado *hedgehog,* cuya proteína sale de la neurona y envía una señal a las células de la piel

vecinas, a ambos lados de las neuronas originales. Esa señal provoca que estas células de la piel se conviertan también en neuronas de la retina, y que luego activen el gen *hedgehog,* y vuelta a empezar. El resultado es una auténtica onda que se propaga desde una línea central hacia los lados, y que a su paso va convirtiendo las células de la piel en neuronas hasta que se ha formado una retina esencialmente completa y conectada a los nervios que transmitirán las señales luminosas al cerebro de la mosca. Pues bien, el proceso de formación del ojo en los vertebrados, como el ser humano, es exactamente el mismo. El gen *eyeless* induce la formación de una hilera inicial de neuronas de la retina que activan el gen *hedgehog,* que envía una señal a las células de la piel vecinas para que se conviertan a su vez en neuronas de la retina que activan el gen *hedgehog* y así sucesivamente, con el mismo resultado que en la mosca: una onda que se propaga desde una línea central hacia los lados hasta formar una retina completa y conectada a los nervios que luego transmitirán la señal luminosa hasta el cerebro. Ésta es la esencia de la construcción de un ojo —de cualquier ojo—, y es evidente que no ha evolucionado independientemente en los insectos y en los vertebrados, sino que debe existir desde el mismísimo Urbilateria. Es muy importante darse cuenta de que las similitudes entre todos los animales bilaterales actuales no se limitan a uno o dos genes sueltos, más o menos implicados en la construcción del ojo. Tanto *eyeless* como *hedgehog* necesitan una batería completa de otros genes para poder funcionar (transmitir una señal de una célula a la vecina se dice pronto, pero implica a varias decenas de genes intermediarios que trabajan de forma coherente y coordinada), y toda esa batería genética está también implicada en la formación del ojo de cualquier animal bilateral, y ya lo debía estar en Urbilateria.



FIGURA 10.5: La activación generalizada de *eyeless* ha convertido a esta pobre mosca en un auténtico saco de ojos. Ver para creer.

¿Qué quiere decir todo esto? El problema recuerda mucho al que ya hemos visto en el caso de la organización del eje anteroposterior de los animales. Las distintas estructuras desplegadas a lo largo de ese eje —picos, alas y garras en las aves: dientes, manos y pies en los mamíferos— han evolucionado por separado en cada linaje animal, pero el fundamento lógico del sistema es el mismo en todos ellos: la fila Hox inventada por Urbilateria. En el caso que nos ocupa, los ojos han evolucionado en cada linaje animal de forma independiente, pero el fundamento lógico de la construcción del ojo, un fundamento nada simple, por cierto, es el mismo en *todos* los animales bilaterales. Volvemos a encontrarnos con Urbilateria, aunque en relación con un sistema biológico muy distinto de la organización de estructuras en un eje.

Es muy importante reparar en que los detalles de la construcción del ojo no se originaron en Urbilateria. Los zoólogos evolutivos, como hemos visto, han mostrado convincentemente que elementos estructurales como los cristalinos y sus sistemas de enfoque han evolucionado de forma independiente en distintos linajes de vertebrados, por ejemplo. Y no hablemos ya de las numerosas peculiaridades estructurales del ojo compuesto de los insectos. Todo parece indicar que los cristalinos, los omatidios y otros dispositivos oculares son invenciones evolutivas muy posteriores a Urbilateria, y que se han desarrollado varias veces de forma gradual e independiente. Y, sin embargo, en otro sentido deben considerarse meras versiones de un diseño básico de Urbilateria, un diseño

complejo, pero tan útil y versátil que ha permanecido incuestionado e invariante durante los 600 millones de años que han transcurrido desde su invención única e irrepetible. Éste es el tipo de fenómeno evolutivo con el que el darwinismo se siente profundamente incómodo. El eje anteroposterior y el ojo son dos ejemplos de sistemas complejos y fundamentales de diseño surgidos una sola vez en la historia, con un buen acabado desde su primera aparición pública, y que se han revelado después extraordinariamente resistentes a los meticulosos oficios de la selección natural (que, sin embargo, sí parece capaz de elaborar refinamientos sobre ese esquema básico).

En este sentido abstracto, el eje anteroposterior y los ojos son parecidos a la célula eucariota, el caso más clamoroso de evolución no darwiniana demostrado hasta la fecha. Y no son los únicos, ni mucho menos. He empezado este capítulo por los ojos porque esos órganos son una especie de *McGuffin* del pensamiento evolutivo desde tiempos de Darwin, pero hay otros casos igualmente chocantes. El siguiente párrafo es de un recorte de prensa publicado en 1998:

> Los profesores de biología llevan más de un siglo enseñándonos a desconfiar de las apariencias. Las alas de pájaros y murciélagos son parecidas y sirven para lo mismo, pero no tienen un origen común: son dos *inventos* evolutivos independientes. Lo mismo cabe afirmar de la forma ahusada de peces y ballenas. Y también cabía afirmarlo de las patas de insectos y mamíferos… hasta hace dos semanas, cuando un equipo de investigación español reveló que las patas de estos animales tan dispares comparten una misma lógica genética. Y la comparten con tanto detalle que sólo un origen común puede explicarlo. Las apariencias, ya se ve, no siempre engañan. (*El País,* 22 de julio de 1998.)

El artículo era una reseña de un trabajo publicado en *Nature* por los laboratorios de Ginés Morata, Miguel Torres y Carlos Martínez, que demostraba por encima de toda duda razonable que las patas (y otros apéndices) de todos los animales bilaterales se construyen siguiendo un complejo sistema de diseño que ya existía en Urbilateria, y que todos los animales bilaterales han utilizado sin excepción, y sin que la selección natural haya conseguido alterarlo en lo fundamental, durante los 600 millones de años que han transcurrido desde su aparición. Que la pata de una mosca y la pierna humana sean estructuras homólogas, es decir, que compartan el mismo origen evolutivo, es el primer ejemplo de herejía que le vendría a la cabeza a

cualquier zoólogo preguntado al respecto. Pocos especialistas en morfología lo admitirán aún hoy. Y sin embargo es así, al menos en cierto sentido profundo de la palabra *homología*.

Los apéndices (piernas, brazos, patas, alas, antenas) de cualquier animal bilateral inician su desarrollo embrionario de modo muy parecido. Una vez que el cuerpo central del embrión (llamémoslo tronco, sin mucha propiedad) está formado en sus líneas generales, pequeños grupos de células situados en la zona lateral del embrión perciben cuál es su posición aproximada en el tronco y cambian en consecuencia su programa genético. Cada grupo de células formará un apéndice. El nuevo programa genético lleva a esas células a proliferar ordenadamente a lo largo de un eje perpendicular al del cuerpo, y a activar los sistemas necesarios para organizar el apéndice durante su formación. Los genes clave para este proceso —los que comunican a las células dónde están, los que activan el nuevo programa de proliferación celular y los que establecen el nuevo eje del apéndice— son esencialmente los mismos en *Drosophila* y en el ratón (es decir, en todos los animales bilaterales) y guardan idénticas relaciones entre sí. Se trata otra vez de una red compleja e integrada de genes: una red que se ha mantenido invariante en la evolución a partir de su primera aparición en Urbilateria. Como en el caso del ojo, los distintos linajes animales han experimentado después procesos evolutivos, tal vez graduales, que han convertido sus apéndices en dispositivos biológicos con formas, apariencias y funciones muy distintas, pero todos se basan en el mismo sistema básico de diseño.

Dije antes que los apéndices de todos los animales bilaterales son homólogos, pero sólo en cierto sentido profundo. Una de las implicaciones académicas de la genética contemporánea es que el concepto de homología necesita una revisión sutil y perspicaz. Sabemos que las alas de los cuervos y las de los murciélagos no son estructuras homologas: el último antecesor común de las aves y los murciélagos era un reptil sin alas. Por lo tanto, la evolución de las alas ha ocurrido de modo independiente en esos dos linajes. En ambos casos, el par de patas delantero ha evolucionado hasta formar un par de extremidades útiles para el vuelo. Se trata de un caso de manual de lo que se conoce como evolución convergente: dos procesos evolutivos independientes generan órganos con formas y funciones similares. Sin embargo, si todos los apéndices de los animales bilaterales tienen un origen común, las alas de cuervos y murciélagos son homólogas en un sentido más profundo: un sentido en el que ambas sólo han evolucionado una vez, en tiempos de Urbilateria. ¿Son homólogas o no son homólogas? Todo lo que podemos decir es que no son

homólogas en tanto alas, pero sí en tanto apéndices.

El ejemplo anterior puede parecer una trivialidad, pero es fácil predecir que la biología va a encontrar pronto muchas ambigüedades más confusas que ésa. Un ejemplo: hasta hace poco, los entomólogos (estudiosos de los insectos) no habían logrado decidir si los segmentos de la mosca eran verdaderamente homólogos a los de la langosta, debido a que el desarrollo embrionario de ambos insectos es radicalmente diferente. El embrión de la langosta, como vimos en el capítulo 8, va generando los segmentos uno a uno, al mismo tiempo que las células se van dividiendo y separando de la zona de proliferación. El embrión de la mosca, sin embargo, se segmenta prácticamente de golpe y sin que la proliferación celular tenga nada que ver. De pronto, a una célula le puede tocar pertenecer a la parte posterior del tercer segmento, y a la que hasta entonces era su amorosa vecina le toca pertenecer a la parte anterior del cuarto. Esta separación ocurre en los primeros momentos de la vida del embrión, pero sus efectos son indelebles: en cuestión de minutos, las dos células vecinas e idénticas se ven separadas por una frontera invisible que ni ellas ni sus hijas violarán nunca más durante todo el resto del desarrollo y la vida de la mosca.

Es difícil imaginar dos mecanismos de segmentación más dispares que los de las moscas y las langostas. Pero hoy, pese a todo lo anterior, muchos especialistas se inclinarían a pensar que los segmentos de los dos insectos son homólogos, y ello por una única razón: que comparten gran parte del sistema genético que organiza las células dentro de cada segmento. Se llama *grupo de genes de polaridad segmental, y* fue uno de los varios grupos de genes esenciales para el desarrollo animal que descubrió en 1980 la mencionada Christiane Nüsslein Volhardt. El argumento de la homología parece sensato. Pero Sean Carroll y su equipo descubrieron en 1999 que los mismos genes de polaridad segmental se encargan de dibujar los típicos círculos *(ojos)* que adornan las alas de las mariposas (Keys y colaboradores, 1999.) ¿Deberemos ahora concluir que los segmentos de las moscas son homólogos a los dibujos de las alas de las mariposas? Esto ya parece excesivo. Intentemos adoptar la misma solución salomónica que en el caso de las alas de cuervos y murciélagos: los segmentos de la mosca no son homólogos a los dibujos de las mariposas en tanto segmentos, pero sí lo son en tanto… ¿en tanto qué?

Solución: en tanto operaciones abstractas, los genes de polaridad segmental, pese a su nombre, no entienden nada de segmentos de mosca ni de pigmentos de mariposa: son diseñadores abstractos que generan formas puras o patrones geométricos. Una vez que ellos han

dibujado el boceto, otros genes que sí son específicos de cada sistema les hacen el trabajo sucio y llenan la forma pura de estructuras segmentales o de pigmentos alares.

Las proteínas de polaridad segmental son muy variadas: algunas viven en el núcleo celular controlando a otros genes, otras se alojan en la membrana exterior de la célula, otras la traspasan y viajan hasta otras células vecinas. Si forman un sistema integrado no es porque sean parecidas, sino porque se entienden muy bien. La proteína viajera puede interactuar con las que están en la membrana, que a su vez pueden interactuar con las de dentro de la célula y decirle a la del núcleo que active a tal gen o reprima a tal otro. Juntas forman un sistema que les permite a las células saber dónde están; dónde están unas respecto de otras. Por eso, cuando cualquiera de estas proteínas resulta dañada, las células empiezan a hacer cosas que corresponden a otro lugar, y se orientan en direcciones incorrectas: pierden el norte (y la latitud). En el embrión de la mosca, los genes de polaridad segmental se activan en estrechas bandas transversales, y cada banda organiza un segmento del cuerpo. En el ala de la mariposa, se activan en puntos, y cada punto organiza un dibujo circular. Los detalles no se conocen del todo, pero esto es lo que pasa en esencia. Los segmentos de la mosca son *homólogos* a los dibujos de la mariposa en tanto se basan en la misma operación abstracta. Esto no quiere decir que un insecto primitivo tuviera un órgano del que provienen ambos (digamos, un segmento circular pigmentado). Pero sí quiere decir que hubo un insecto primitivo que ya disponía de la operación abstracta: el juego completo de genes de polaridad segmental que permiten a las células saber dónde están unas respecto de otras.

Equipados con este nuevo concepto sutil de *homología,* intentemos ahora reconstruir un retrato robot de Urbilateria. Sabemos, por ejemplo, que Urbilateria ya tenía genes de polaridad segmental (me callé antes, para no liar más las cosas, que este sistema es universal en todos los animales bilaterales). Es probable que ya los utilizara para organizar sus segmentos (sabemos que todos los animales bilaterales están metamerizados en mayor o menor medida), pero podemos descartar con confianza que los empleara también para dibujar círculos en sus alas, toda vez que no tenía alas (no son muy útiles en el fondo oceánico). Bien, ya se ve cuál será nuestra metodología para construir el retrato robot. Consiste en apurar las deducciones formales que nos permite hacer la genética comparada y sopesarlos con los límites que nos imponen el contexto y la sensatez. Sigamos.

¿Tenía ojos Urbilateria? ¿O sólo tenía una operación abstracta que lo mismo puede valer para hacer un ojo que un lóbulo hepático? Lo

más probable es que tuviera ojos. El sistema *eyeless/hedgehog* en que se basa la formación del ojo se usa en los animales actuales para hacer ojos, y es lógico que así sea: se trata de una estrategia genética para crear células fotorreceptoras, especializadas en captar luz eficazmente, y asociarlas con las neuronas que deben recibir los impulsos de esas células. Es decir, para construir el fundamento de un ojo, a todos los efectos. Lo que no podemos saber es cómo eran los ojos de Urbilateria. Podían ser compuestos, como los de los insectos, o de lente y retina única, como los nuestros, pero es mejor suponer que eran más simples que todo eso, por lo menos inicialmente. Por otro lado, es improbable que Urbilateria fuera un cíclope con un solo ojo: lo menos que cabe esperar del inventor de la simetría bilateral es, bueno, que fuera simétrico bilateralmente y tuviera un ojo a cada lado, si acaso dos o tres ojos a cada lado, pero no uno solo en todo el centro. Pregunta para la ortodoxia darwiniana: ¿Por qué las anémonas, las medusas, las hidras o cualquier otro metazoo diploblástico no desarrollaron nunca, y siguen sin desarrollar, un ojo que merezca tal nombre? Al fin y al cabo tienen células complejas, pigmentos fotosensibles y todos los demás elementos necesarios para ascender por la escalera gradualista y adaptativa que expusimos al principio de este capítulo. La respuesta debe ser que hubo importantes fenómenos no adaptativos, no explicables por la selección natural, que debieron preceder necesariamente a la evolución del ojo en Urbilateria. La hipótesis más simple, como en el caso de la fila Hox, es que esos fenómenos estuvieran menos relacionados con la selección natural que con la dinámica interna del genoma, aunque en este caso no dispongamos aún de un modelo convincente.

¿Tenía patas Urbilateria? Quizá no tanto como patas, pero podemos estar razonablemente seguros de que tenía algún tipo de apéndices, porque el sistema genético complejo (basado en los genes *Distaless, extradenticles, Meis* y muchos otros) conforma hasta cierto punto una operación abstracta, es cierto, pero también es cierto que esa operación está especializada en señalar con el dedo a un grupo de células y destinarlas a formar un eje perpendicular al cuerpo del embrión. O sea, un apéndice. Es posible que Urbilateria sólo usara este sistema para fabricar un par de antenas, o una serie de jorobas a lo largo de su espalda, pero no hay ninguna razón que nos impida conjeturar que lo utilizó para construir una serie de patas más o menos simples.

Volvamos un minuto a la fila Hox. Argumentamos en el capítulo 7 que Urbilateria no sólo disponía de una fila Hox funcional equipada con sus baterías de genes *downstream,* sino que ya la utilizaba en la

vida real —en la vida fenotípica, por así decir— para organizar las estructuras a lo largo del eje anteroposterior del cuerpo. La razón es que todos los animales bilaterales actuales la utilizan así, y resultaría extravagante adjudicar esa universalidad a la evolución convergente o a una coincidencia. Y, sin embargo, hay otro sentido en el que la fila Hox se puede considerar una operación más abstracta. Los vertebrados terrestres no sólo empleamos la fila Hox para organizar el eje anteroposterior del cuerpo, sino también para organizar otros ejes más tarde en el desarrollo del embrión, como el que distingue nuestros dedos en cada mano y cada pie. Como otros grupos animales no hacen nada parecido, debemos concluir que este uso secundario de la fila Hox es una invención que surgió durante la evolución de nuestros ancestros, mucho después de que Urbilateria campara por los fondos oceánicos precámbricos. Los vertebrados, por cierto, tenemos varias copias de la fila Hox completa, parecidas pero no idénticas. Nuestro linaje nunca ha renunciado al uso original de estos genes, pero sí los ha explotado más a fondo que los demás animales: los ha explotado también como una operación abstracta, útil para la organización de otros ejes distintos del anteroposterior. Es muy posible que ello explique muchos aspectos de la versatilidad evolutiva en la historia tardía de los vertebrados, sin excluir la vertiginosa evolución de nuestro asombroso cerebro humano, como veremos hacia el final del libro.

Hay más sistemas genéticos complejos que hicieron su primera aparición en Urbilateria y han permanecido esencialmente invariantes durante el resto de la historia del planeta, como el que organiza el eje dorsoventral de todos los embriones animales (sí, Urbilateria tenía también una espalda y un vientre), y sin duda el nuevo campo de la genómica comparada identificará pronto algunos más. Algunos reflejan la existencia de estructuras concretas en todos los animales, otros meras operaciones abstractas con las que la evolución posterior puede jugar a placer, y otros una mezcla de ambas cosas. Pero ninguno consiste en uno o dos genes sueltos que se pueden usar como ladrillos para construir cualquier tipo de casa: una y otra vez nos encontramos con habitaciones enteras y amuebladas, con sistemas genéticos complejos, compuestos por decenas o centenares de genes altamente integrados. La genética de los últimos 15 o 20 años ha revelado todo tipo de inesperadas tozudeces evolutivas, pero la gran sorpresa no es ya, como pensábamos en los años ochenta, que unos cuantos genes clave permanezcan constantes a lo largo de toda la historia animal: es que lo que permanece constante son sistemas genéticos complejos, completos y altamente integrados. Los

acontecimientos más relevantes de la evolución animal, como el que separó a los vertebrados de los demás linajes, no parecen jugar libremente con unas cuantas mutaciones, a base de alterar en parsimoniosas gradaciones sus frecuencias relativas en la población. Al menos algunas de las principales innovaciones evolutivas no siguen la receta de Fisher y Dobzhansky: los que siguen esa receta son los darwinistas ortodoxos. Los linajes animales prefieren utilizar caminos evolutivos mucho más eficaces, basados en explorar nuevos usos de las operaciones complejas, completas y altamente integradas que, al menos en muchos casos, ya existían en Urbilateria. Ningún animal ha inventado un nuevo órgano partiendo de cero, por la fuerza bruta y paciente de la selección natural. La evolución, que es mucho más inteligente que los teóricos sintéticos de los años cuarenta, prefiere plagiar, duplicar, reutilizar y recombinar unidades funcionales mucho más complejas que el solitario gen egoísta de las ecuaciones ortodoxas. La clave de la evolución son los *módulos*. Echemos un vistazo a esta idea en el siguiente capítulo.

11

Evolución modular

En 1980, el Estado de Arkansas aprobó una ley para que la lectura literal de la Biblia se enseñara en las escuelas como una alternativa al darwinismo, tratada en pie de igualdad con él a todos los efectos. La Unión Americana por las Libertades Civiles recurrió la ley por inconstitucional y, durante el juicio consecuente, citó como testigos en apoyo de sus tesis al evolucionista de Harvard Stephen Jay Gould y al filósofo de la ciencia británico-canadiense Michael Ruse. Durante una de las largas esperas en los pasillos de los juzgados, el reputado creacionista Duane T. Gish, autor del libro *Evolución: los fósiles dicen no,* que se había vendido como rosquillas en Estados Unidos, abordó a Ruse y le dijo:

—El problema con ustedes los evolucionistas, doctor Ruse, es que no juegan limpio.

—¿Cómo? —dijo Ruse.

—El cristianismo nos dice de dónde venimos, adónde vamos y qué debemos hacer mientras tanto. El evolucionismo les dice a ustedes de dónde vienen, adónde van y qué deben hacer mientras tanto. Ustedes tienen su propio Dios, y Su nombre es Charles Darwin.

Veinte años después, Ruse, que ya era entonces y sigue siendo un darwinista ortodoxo convencido, además de un ateo irredimible, ha confesado que nunca ha logrado quitarse de la cabeza aquel episodio y que, por extraño que pueda parecer, ha llegado a convencerse de que el creacionista Gish terna toda la razón en su crítica. El filósofo ha explicado recientemente:

> El evolucionismo nació como una especie de ideología secular, como una alternativa explícita al cristianismo. Uno de los primeros evolucionistas fue el médico del siglo XVIII Erasmus Darwin, el abuelo de Charles. Erasmus no era ateo, pero a diferencia de los cristianos, que creen en un Dios que interviene

continua y milagrosamente en el mundo que ha creado, él veía a Dios como un ser que decide al principio el curso futuro de la naturaleza, dicta unas leyes físicas inviolables y no vuelve a actuar. Deísmo, se llama esto, por oposición al teísmo cristiano. Lo que intentó su nieto Charles en *El origen de las especies* fue proponer una teoría de la evolución menos ideológica, más estrictamente científica. Pero su intención se vio frustrada casi de inmediato por sus seguidores, en particular por su célebre *bulldog,* el gran científico y reformador social británico Thomas Henry Huxley, que utilizó la teoría de Darwin para minar los cimientos del cristianismo. Huxley veía el cristianismo como un aliado del poder y de las fuerzas reaccionarias a las que quería derribar. (*El País,* 19 de enero de 2002.)

Ruse cree que, incluso hoy, la evolución sigue siendo promulgada como una religión secular, y que los darwinistas contemporáneos siguen utilizando la teoría de Darwin como una especie de «cimiento metafísico» del que irradian toda clase de principios y directrices que poco tienen que ver con la ciencia. Los evolucionistas Lynn Margulis y Stephen Jay Gould —dos notorias víctimas de la Santa Inquisición neodarwiniana— se han expresado a menudo en parecidos términos, y yo no puedo más que manifestarme de acuerdo con ellos: ya hemos visto en este libro algunos ejemplos de ese tic dogmático. Y no olvidemos que uno de los padres de la teoría sintética, Theodosius Dobzhansky, fue un hombre de gran fervor religioso que veía en la selección natural darwiniana una verdadera escalera al cielo, en un sentido muy literal. En palabras de Ruse:

> Desde el principio, Dobzhansky reconoció que se dedicó a la empresa evolucionista con una misión, en su caso religiosa: la esperanza de demostrar que la evolución tiene un propósito divino y que el hombre es su producto más perfecto, la apoteosis de un proceso ascendente y progresivo. (RUSE, 2001.)

Uno de los efectos secundarios de este contradictorio ángulo religioso del evolucionismo es que a menudo parece imposible expresar una crítica *científica* —no me refiero ahora a los creacionistas— a la teoría de Darwin sin enmarcarla en una especie de declaración de fe, o de falta de fe. «Desde que la aprendí en primero de carrera, siempre me sentí incómodo con la teoría sintética», declaró el físico británico Fred Hoyle antes de desarrollar un soporífero modelo estadístico que pretendía demostrar la imposibilidad de que la

selección natural produjera estructuras biológicas complejas. Los prefacios a cualquier propuesta heterodoxa, sensata o no, suelen adoptar la forma de una letanía: nunca he podido creer en la selección natural, siempre he encontrado inconcebible que el gradualismo darwiniano genere progreso, jamás he compartido la fe adaptativa de la teoría sintética, etcétera. A la inversa, cualquier crítica al mecanismo de la selección natural suele ser atribuida por la ortodoxia darwinista a algún turbio prejuicio religioso, ideológico o estético de su ponente, y condenada en consecuencia con los correspondientes anatemas.

Mi ejemplo preferido de este último fenómeno es la conclusión que el filósofo darwinista Daniel Dennett alcanzó en 1995 sobre las *verdaderas* razones que movieron a Stephen Jay Gould a dudar del poder omnímodo de la selección natural:

> ¿Qué objetivos ocultos —morales, políticos, religiosos— han motivado a Gould? Por muy fascinante que sea esta cuestión, voy a resistir la tentación de tratar de responderla, aunque en su debido momento consideraré brevemente, como es mi deber, las hipótesis rivales que se han sugerido [por otros darwinistas ortodoxos]. Bastante tengo que hacer con defender la propuesta, reconocidamente chocante, de que la pauta de las revoluciones fallidas de Gould revela que el evolucionista laureado de Norteamérica [el propio Gould] siempre se ha sentido incómodo con el núcleo fundamental del darwinismo. […] Una forma de interpretar las campañas científicas de Gould a lo largo de los años podría ser como un intento de restringir la teoría evolutiva a una tarea apropiadamente modesta, creando un cordón sanitario entre ella y la religión. (DENNETT, 1995.)

Confieso que los argumentos de este tipo me resultan desconcertantes en grado sumo, aunque sólo sea porque conozco muy de cerca un caso que los contradice: el *mío.* Yo era un darwinista ortodoxo y convencido, y ahora he dejado de serlo. ¿Qué objetivos ocultos han guiado mi *pérdida de fe*? Era entonces y sigo siendo un correoso ateo, un izquierdista moderado y un amante del jazz. Darwin sigue siendo un modelo intelectual para mí, y sigo valorando el neodarwinismo como lo que es: un sólido argumento matemático para compatibilizar la naturaleza discreta del gen con el gradualismo darwiniano. ¿Cuáles son entonces mis objetivos ocultos? Casi me da vergüenza confesar que no hay ninguno. Mi *fe* en el darwinismo se ha

disipado por las más grises, planas y aburridas razones científicas, exactamente igual que mi *fe* en que toda partícula infecciosa debe contener su propio ADN se disipó cuando Stanley Prusiner demostró la existencia de los priones, las proteínas que transmiten el mal de las *vacas locas*. Pese a las arraigadas convicciones darwinistas de mi juventud, he llegado a persuadirme, a base de palos propinados por la evidencia, de que (al menos algunas de) las principales innovaciones biológicas de la historia de la Tierra tienen un mecanismo causal no darwinista, no explicable por la lenta acumulación de pequeñas mejoras adaptativas. He llegado a la convicción *científica* de que esas innovaciones tienen una naturaleza modular: consisten en la incorporación, o en la nueva utilización, de módulos genéticos completos y previamente funcionales. Admitiré de buen grado cualquier crítica científica contra esta idea, pero me partiré de risa si alguien pretende adjudicarla a una motivación mística, moral, religiosa o ideológica de cualquier tipo.

¿Qué quiero decir por evolución *modular*? Ya hemos visto los dos mejores ejemplos. El origen de la célula eucariota fue un caso esencial de evolución modular, como ha demostrado (sobre todo) Lynn Margulis por encima de toda duda razonable. Es difícil imaginar un acontecimiento evolutivo más relevante que la formación de la célula eucariota, y hoy sabemos que el proceso que la generó no fue darwiniano, sino modular. La célula eucariota se formó por simbiosis, es decir, por la suma de tres (o más) módulos genéticos completos y previamente funcionales: tres genomas bacterianos, de hecho. Esto no quiere decir que la selección natural no exista, ni tampoco que no tuviera ningún papel en aquel suceso concreto. Tras la simbiosis, había un montón de trabajo que hacer para ajustar los tres genomas, eliminar redundancias y descartar las versiones deficientes, y esa *tarea de edición* la ejecutó la selección natural con toda probabilidad. Pero la explicación última del proceso en su conjunto no es la selección natural, sino la evolución modular. Si le queda a usted alguna duda, imagínese que no sabe nada de Lynn Margulis, siéntese un par de horas con un papel y un lápiz e intente postular una ruta darwiniana para crear la célula eucariota desde una sola bacteria, a base de pequeños pasos adaptativos. Es muy posible que lo consiga —varios científicos lo han hecho antes que usted—, pero lo que es seguro es que la ruta que usted proponga no tendrá absolutamente nada que ver con la realidad.

Otro ejemplo de evolución modular, aunque muy distinto y aún demasiado hipotético, es la invención del sistema para organizar el eje anteroposterior en todos los animales bilaterales, basado en la fila

Hox. El *módulo* aquí es un solo gen Hox con su batería de genes *downstream,* un sistema genético integrado y previamente funcional, posiblemente ya utilizado por la hidra y otros primitivos metazoos diploblásticos para organizar y regenerar sus escasas estructuras diferenciadas. La simple duplicación serial y divergencia del gen Hox inicial generó *esencialmente desde dentro del genoma* un cuerpo metamérico, organizado a lo largo de su eje por una decena de versiones del módulo genético original. Nuevamente, la selección natural tuvo mucho trabajo que hacer para pulir y elaborar este sistema. Y más aún: es muy posible, en mi opinión, que un esquema calcado de la selección natural, aunque sólo operativo *dentro del genoma,* actuara durante la serie de duplicaciones y divergencias genéticas que dieron lugar a la fila Hox, como hemos visto en el capítulo 8. Por eso sólo lograron prosperar en el genoma los nuevos genes Hox que incrementaban la afinidad por los genes *downstream.* Pero, de nuevo, la explicación última del proceso en su conjunto no es la selección natural, sino la evolución modular: la nueva utilización de módulos genéticos complejos, completos y previamente funcionales.

Es evidente que estas ideas no tienen nada de místico, ni de moral ni de religioso. ¿Por qué deberían suscitar el rechazo del *establishment* de la biología evolutiva? Creo que hay dos razones. Vamos con la primera. Acabamos de ver que Dobzhansky enarboló el gradualismo darwiniano como un último recurso para salvar a Dios y a la cúspide de Su creación, el hombre que Él creó a Su imagen y semejanza. El gradualismo darwiniano representaba para Dobzhansky el único camino seguro hacia los cielos, porque las brusquedades tienen un componente impredecible que encaja muy mal con el plan divino. Las motivaciones religiosas de Dobzhansky son realmente curiosas, porque la insistencia de Darwin en permanecer adherido al más estricto gradualismo se debió en buena medida a todo lo contrario: a la necesidad de eliminar a Dios para permitir que la teoría de la evolución pudiera salir adelante. En palabras de Richard Dawkins:

> Para Darwin, cualquier evolución que tuviera que ser ayudada por Dios mediante saltos no era evolución en absoluto. Convertía en un disparate el punto central de la evolución. Bajo este ángulo, es fácil ver por qué Darwin reiteró constantemente el carácter *gradual* de la evolución. (DAWKINS, 1986.)

Dennett también ha incidido en este punto, aunque refiriéndose sólo a un aspecto parcial (y muy cuestionado en nuestros días) del gradualismo de Darwin, la naturaleza parsimoniosa de las extinciones:

> Es verdad que Darwin tendió a insistir, de manera miope, en la naturaleza gradual de todas las extinciones, pero los neodarwinistas han reconocido desde hace tiempo que esto era debido a su ansia de distinguir su punto de vista de las varias formas de catastrofismo que estorbaban la aceptación de la teoría de la evolución por selección natural. Debemos recordar que, en tiempos de Darwin, milagros y calamidades como el Diluvio Universal constituían el principal rival del pensamiento darwiniano. Poco puede sorprender que Darwin tendiera a huir de cualquier cosa que pudiera parecer sospechosamente repentina y conveniente. (DENNETT, 1995.)

Dawkins y Dennett tienen mucha razón, pero precisamente por ello podemos ignorar soberanamente esta primera motivación del *establishment* para huir de las brusquedades. Estamos en el siglo XXI, y el principal rival *científico* del pensamiento darwiniano ya no tiene nada que ver con los saltos ayudados por Dios, ni con las varias formas del catastrofismo decimonónico, ni con el Diluvio Universal ni con el portal de Belén. Así que pasemos a la segunda razón del rechazo neodarwinista a cualquier cosa que huela vagamente a un salto evolutivo. Oigámosla, una vez más, expuesta por la inmejorable pluma de Dawkins:

> Existen razones generales para dudar que las macromutaciones o los monstruos [en referencia al *monstruo esperanzado* de Richard Goldschmidt] sean importantes para la evolución. Los organismos son máquinas extremadamente complicadas y finamente ajustadas. Si se toma una máquina complicada, incluso una que no funcione de manera óptima, y se produce una gran alteración al azar en sus entrañas, la probabilidad de que mejore es ciertamente muy baja. Pero, si la alteración aleatoria es muy pequeña, sí se la puede mejorar. […] Cada especie de animal y de planta es una isla de viabilidad situada en un vasto mar de ordenaciones concebibles de las que la gran mayoría, si es que alguna vez llegara a existir, moriría. […] Una pequeña mutación —un alargamiento fraccional de un hueso de la pierna aquí, un delicado ajuste del ángulo de la mandíbula allí— simplemente desplaza al hijo a un sector distinto de la misma isla […], pero una mutación grande, un cambio drástico, monstruoso, revolucionario, es equivalente a un salto alocado hacia no se sabe dónde. (DAWKINS, 1996.)

Bien, esto sí es un argumento científico contra las brusquedades evolutivas, y muy sensato por cierto. Pero un argumento adverso no constituye necesariamente una refutación. La clave de esta discusión, creo, está en el concepto de *azar* que uno adopte. Si de lo que hablamos es de «una gran alteración *al azar* en las entrañas», como dice Dawkins, el hijo se nos sale de la isla y se nos cae al mar, qué duda cabe. Pero de lo que hablamos es de la importación, o de la nueva utilización, de módulos genéticos completos y previamente funcionales. Un proceso modular ocurre por azar, pero no por el tipo de azar al que se refiere Dawkins. Si uno bombardea un genoma con rayos X, o le roba a ciegas una cuarta parte del ADN, o le añade los 200 genes que haya elegido un generador de números aleatorios, el resultado será un desastre con toda seguridad. Pero si lo que añadimos es un módulo funcional completo, hay una probabilidad aceptable de que el resultado no sólo sea viable, sino interesante evolutivamente. En vez de caerse al mar, el hijo puede mantener una pierna en nuestra vieja y querida isla mientras apoya la otra con firmeza en una isla distinta. Veamos esto en nuestros dos ejemplos favoritos de evolución modular.

Los tres módulos que originaron la célula eucariota (en dos pasos simbióticos sucesivos) se unieron por azar, sí, pero lo que aportaron a la unión no tenía nada de azaroso: eran genomas bacterianos que ya funcionaban antes de manera integrada, y que en su nueva vida simbiótica siguieron haciendo en gran medida lo mismo que ya hacían antes: replicar, transcribir y traducir el ADN a proteínas (genoma 1), metabolizar, digerir y sintetizar moléculas (genoma 2) y respirar oxígeno para producir energía (genoma 3). Ninguna mano sospechosa guía el proceso, pero el hecho de que el resultado sea coherente —que no se caiga al mar— e interesante —que abra posibilidades antes inexploradas— no es un inconcebible golpe de suerte, ni una violación de las leyes físicas, biológicas o estadísticas: no es más que la consecuencia de que cada módulo ya era una entidad biológica funcional con anterioridad. El *monstruo esperanzado* de Goldschmidt se parece menos a Quasimodo (una macromutación en el peor de los sentidos) que a la criatura del doctor Frankenstein: una suma de partes previamente funcionales (con la excepción del cerebro, por desgracia en este último caso).

El eje anteroposterior de Urbilateria se generó también por suma de módulos, aunque el mecanismo es bien distinto del anterior. En este caso, todos los módulos provienen de un módulo original por duplicaciones genéticas sucesivas. Cada gen de la fila Hox (con su batería de genes *downstream*) es capaz de especificar un metámero del

cuerpo de Urbilateria porque el único gen Hox original (con su batería de genes *downstream*) ya se dedicaba más o menos a lo mismo en las hidras primitivas. La fila Hox (con sus genes *downstream)* se formó por la *suma* de una decena de módulos. No es una suma simbiótica, sino generada por duplicación genética, pero la razón última de que saliera bien —de que no se cayera al mar y de que abriera posibilidades antes inexploradas— es la misma que en la simbiosis: que cada módulo ya constituía antes una unidad funcional integrada *(la misma* unidad funcional integrada fue la precursora de todos los módulos, en este caso).

La evolución modular no tiene por qué implicar ningún mecanismo genético extraño o desconocido. Margulis ha documentado abundantemente que la simbiosis, en particular la inclusión de una bacteria en otra, o de una bacteria en una célula eucariota, es un fenómeno muy común. Los genes de la bacteria simbiótica no tienen por qué permanecer en ella para los restos. Los secuenciadores del genoma de la planta *Arabidopsis,* una suerte de *Drosophila* de los genetistas vegetales, descubrieron a finales de los noventa que una buena porción del ADN de la mitocondria de esta especie (una antigua bacteria, recordemos) se había duplicado y había insertado una copia en un cromosoma del núcleo. El suceso era relativamente reciente, toda vez que la versión que permanecía en la mitocondria y la copia que había saltado al núcleo eran prácticamente idénticas en secuencia, es decir, que no habían tenido tiempo de acumular mutaciones cada una por su cuenta.

Fuera de la simbiosis, ya hemos visto que otro tipo de evolución modular, la del eje anteroposterior de Urbilateria, requirió poco más que una serie de duplicaciones de un gen Hox. Si la simbiosis es común, las duplicaciones *en tándem* (las que resultan en dos copias de un gen en fila india) son un fenómeno tan bien documentado como las mismísimas mutaciones puntuales, las sustituciones de una letra por otra en el ADN que, por alguna extraña razón, han resultado ser las preferidas de los darwinistas contemporáneos. De hecho, el premio Nobel Ed Lewis empezó a estudiar los genes Hox de *Drosophila* en los años cuarenta no por su interés en el control del desarrollo, sino porque prometían ser un caso interesante de duplicación genética. Un alto porcentaje de los genes de cualquier animal aparecen duplicados en su genoma, y lo más normal es que la copia permanezca junto al original *en tándem.* La duplicación de genes es una auténtica ordinariez evolutiva. Lo que hace especiales a los genes Hox no es que sean producto de una duplicación serial, sino el hecho de que el gen Hox original tuviera ya bajo su control una red integrada de genes (un

módulo). La duplicación de los genes Hox tuvo como consecuencia inevitable que ese módulo original resultara también *duplicado conceptualmente*. Es decir, los genes *downstream* no se duplicaron físicamente, pero pasaron de tener un solo jefe a tener diez jefes en fila india (y disculpen por esta escalofriante metáfora).

La incorporación o reutilización de módulos en el genoma no tiene por qué tener siempre drásticas consecuencias en la forma de una especie. Siendo estrictos, no tiene por qué tener ninguna en absoluto. Durante ciertas fases de la evolución de los vertebrados, por ejemplo, la fila Hox entera de Urbilateria ha sufrido más de una duplicación. No ahora de un gen o dos, sino de toda la fila a la vez. ¿Qué efecto tendría aquello en el cuerpo del pobre vertebrado primitivo que inauguró ese nuevo módulo de módulos? ¿Se cayó al mar? No tuvo por qué. Como la fila se duplicó entera, con sus regiones de ADN regulador incluidas, no haría nada que no hiciera ya su fila Hox progenitora. Incluso es posible que la nueva copia se insertara en una región cromosómica inactiva y quedara silenciada durante cientos, miles o millones de años. No lo sabemos. Lo que sí sabemos es que una de las nuevas filas Hox se ocupa ahora de organizar un eje que no existía en aquellos tiempos: el que distingue a unos dedos de otros. La moraleja es que la adquisición de un módulo no tiene por qué generar de pronto un monstruo, ni esperanzado ni depresivo. Lo que sí genera, y muy bruscamente, es un potencial evolutivo nuevo, cuya utilización o no dependerá de avalares más tardíos.



FIGURA 11.1: En los vertebrados han ocurrido varias duplicaciones de la fila Hox completa, y una de las nuevas filas se ocupa de organizar el eje de los dedos. En la foto, mutaciones humanas en el gen llamado Hox D13. En el individuo de la izquierda, la mutación ocurre en sólo uno de los dos cromosomas. En el centro (mano) y la derecha (pie), el individuo lleva la mutación en ambos cromosomas.

Pero ¿no es un salto inconcebible que un módulo que se ocupa de organizar el eje anteroposterior del cuerpo pase a encargarse de otros ejes totalmente distintos? No. Lo esencial es que los genes de la fila

Hox se activen ordenadamente, de acuerdo con su posición en la fila. Por todo lo que sabemos del embrión de *Drosophila,* casi toda esa activación secuencial se puede conseguir con un gradiente de concentración de una sola proteína reguladora llamada *hunchback.* Otros linajes animales utilizan distintos trucos para regular sus genes Hox, pero el ejemplo de *Drosophila* demuestra que basta con un tipo de esquema muy simple para conseguir su activación ordenada. El problema no es ése. El problema, una vez más, son los genes *downstream.* Porque es fácil que la fila Hox se duplique entera y que pase a activarse ordenadamente en nuevos ejes y contextos. Pero lo que no puede ser, una vez más, es que el genoma se invente de pronto 100 o 200 genes *downstream* de cada gen Hox. y que esos genes hagan algo muy notable en el nuevo eje, como dedos y cosas de ese estilo. La nueva fila Hox no tiene más remedio que heredar los genes *downstream* de la antigua, al menos inicialmente. Por eso es un nuevo módulo (un nuevo módulo de módulos): un sistema genético complejo, integrado y previamente funcional. Para saber en qué se diferencian unos ejes de otros en el mismo animal, tendremos que esperar a saber en qué se diferencia el eje principal de un insecto del eje principal de un ser humano, que es el mismo problema en sentido abstracto: cómo usar la misma fila Hox, con buena parte de los mismos genes *downstream,* para organizar cualquier tipo de estructura en un eje. Es obvio que estoy exagerando en el uso de la palabra «mismo», pero creo que esto capta la esencia de la cuestión.

Uno, simbiosis. Dos, duplicaciones de genes que a su vez regulan redes integradas de otros genes. ¿Alguna idea más que pueda subyacer a la evolución modular? Sí, hay una tercera muy importante. Vimos en el capítulo 9 un grupo de genes, llamados *de polaridad segmental,* que no definen ningún órgano o parte del cuerpo concreta. Más bien encarnan una operación abstracta que genera pautas geométricas, formas puras que pueden usarse para distintos propósitos: organizar las células dentro de cada segmento de una mosca, o dibujar círculos en las alas de una mariposa. Los genes de polaridad segmental no están juntos en el genoma, pero son un módulo, porque las proteínas que fabrican actúan siempre juntas para decirle a cada célula dónde está respecto a las otras células. El uso secundario de los genes de polaridad segmental para decorar las alas de las mariposas es un claro ejemplo de evolución modular. Un ancestro de las mariposas reutilizó un módulo genético completo y preexistente para un nuevo fin. Sin embargo, ¿dónde está aquí la supuesta duplicación de genes? Los genes de polaridad segmental no están duplicados: simplemente se activan en un lugar y un tiempo en los que antes permanecían

callados. ¿Qué pasa entonces?

Los genes de polaridad segmental no necesitan estar juntos en el genoma para actuar en bloque, porque su activación coordinada está garantizada por las proteínas que fabrican. Ya hemos dicho que algunas de estas proteínas están en el núcleo regulando a otros genes, otras se insertan en la membrana, otras se pasan a la célula vecina y transmiten señales al interior de ésta, y esas señales acaban llegando al núcleo de esta segunda célula y activan a otros genes, algunos de los cuales son también genes de polaridad segmental, etcétera. La simple activación de un solo gen de polaridad segmental, como el llamado *engrailed* (que veremos en el capítulo siguiente), puede activar a todos los demás genes de polaridad segmental como consecuencia de esa cascada integrada de actividades. ¿Qué hizo, en tal caso, la mariposa? Probablemente hizo esto: hasta entonces el gen *engrailed* se activaba al principio del desarrolla embrionario (no necesitamos ahora saber cómo) en estrechas franjas transversales. Ese solo hecho dispara, como hemos visto, la red completa de genes de polaridad segmental, que se ocupa de organizar a las célalas de cada segmento tanto en la mosca como en la mariposa. Pero la mariposa encontró una forma de activar el gen *engrailed* mucho más tarde en su proceso de desarrollo: en una sola célula del primordio del ala. Y ese solo hecho, sin más innovaciones, dispara por sí mismo la activación de la red genética completa, que ahora genera un círculo (alrededor de un punto) en vez de un segmento rectangular (alrededor de una franja estrecha).

¿Por qué *engrailed* se activa ahora en un punto del ala? No lo sabemos todavía, pero este tipo de cosas son extremadamente fáciles en genética. El lugar y el tiempo en que se activa un gen depende de las zonas de ADN regulador, adyacentes al *texto* del gen propiamente dicho (véase apéndice). Y esas zonas son susceptibles de cambiar, de *mutar,* exactamente igual que los *textos* propiamente dichos. De hecho, son muchísimo más susceptibles al cambio, porque, además de mutaciones pequeñas, como los cambios de una sola letra en el ADN, pueden recibir grandes fragmentos de ADN llegados desde otros lugares del genoma, sin que ello resulte siempre mortal de necesidad: la proteína fabricada sigue siendo la misma, y se sigue fabricando en la zonas corporales de siempre. Pero *además,* si el fragmento de ADN recién llegado contiene nuevos elementos reguladores (algo muy común, en realidad), el mismo gen *también* se expresa en otro tiempo y lugar. Un cambio de este tipo en la zona reguladora del gen *engrailed* puede obrar por sí solo el prodigio de reutilizar el módulo de los genes de polaridad segmental —el módulo *completo*, con todas sus

propiedades integradas y coherentes— en el ala de la mariposa. Tras la simbiosis (mecanismo uno) y la duplicación de genes controladores de otros genes (mecanismo dos), la alteración del ADN regulador de un gen crítico es el tercer mecanismo que quiero proponer para la evolución modular. Puede haber otros mecanismos, pero creo que estos tres son probablemente los fundamentales. ¿Han detectado algún tic místico en todo lo anterior? ¿Algún inconfesable objetivo religioso, moral o político? Ya me imaginaba que no.

Espero haber mostrado que, al menos en principio, las innovaciones evolutivas pueden deberse a procesos no darwinianos: no explicables por la simple acumulación gradual de pequeñas modificaciones adaptativas. Y que ello no implica la invocación a un milagro, ni a una casualidad infinita, ni tampoco revela necesariamente que el proponente haya enloquecido. La clave está en la evolución modular, en la adquisición o puesta en funcionamiento de sistemas genéticos integrados y preexistentes. Los dos principales fenómenos evolutivos que he utilizado para defender esta idea —la célula eucariota y el eje de Urbilateria— no son dos ejemplos cualesquiera: son dos paradojas darwinianas, dos sucesos históricos particularmente difíciles de explicar con el aparato conceptual del darwinismo. Es posible, por tanto, que la evolución modular sea rara, y que la inmensa mayoría de los procesos evolutivos consistan, después de todo, en transiciones graduales y adaptativas del más puro corte darwiniano. Nada permite por ahora excluir este punto de vista. Pero también es cierto que nuestros dos ejemplos no son precisamente dos fenómenos marginales que uno puede ignorar como quien espanta a una mosca. Sin el primero, no existiría vida pluricelular en la Tierra. Sin el segundo, no habría animales que hubieran superado la complejidad de una esponja, una hidra o una medusa: seguiríamos en el planeta Mongo. Reconozcamos llanamente, por tanto, que Darwin no basta para dar cuenta de la historia de la vida en este planeta. Aun si la selección natural acabara ganando *al peso,* hay buenas razones para tantear la evolución modular como una posible explicación de las innovaciones biológicas de la historia de la vida. El miedo a irritar al *establishment* es un pésimo consejero en ciencia. Sigan leyendo.

12

¿Chapucera o perezosa?

En 1975, Antonio García-Bellido ideó el concepto de «genes selectores» para referirse a los genes Hox descubiertos por Bridges y Lewis. Pocos científicos utilizan hoy la nomenclatura de García-Bellido para referirse a la fila Hox, pero el término «genes selectores» ha resucitado en los últimos años para abarcar una realidad más amplia. Más allá de la fila Hox, el concepto de gen selector está empezando a entenderse como una clave esencial de los grandes principios del diseño de los metazoos, un tipo de estrategia genética *inventada* por nuestro viejo conocido Urbilateria hace 600 millones de años y utilizada desde entonces por cuanto animal ha evolucionado en este planeta tan espectacular en las apariencias, pero tan parco en verdaderas ideas innovadoras. Según esta definición ampliada, un gen selector cumple estas cinco propiedades:

—Se activa sólo en una zona del cuerpo. García-Bellido pensó inicialmente que esa zona era siempre un «compartimento», es decir, un grupo de células con un linaje común (generadas por replicaciones sucesivas de unas pocas células del embrión) y separadas de sus vecinas por una frontera infranqueable. Hoy sabemos que algunos genes selectores funcionan así, pero que otros no lo hacen. Lo que siempre es cierto es que un gen selector sólo está activo en una zona del cuerpo bien definida.

—Un gen selector siempre define la identidad de la zona en que está activo. Si el gen falla, esa zona se convierte sin más en otra parte entera del cuerpo (la *homeosis* de Bateson). Y si el gen se activa en una zona incorrecta, ésta se transforma en la definida normalmente por el gen selector. Un ejemplo que ya conocemos es el gen Hox *Ultrabithorax*. En la mosca, normalmente está activo en el tercer segmento torácico, y le ordena formar los pequeños órganos de balanceo llamados halterios. Si falla, los halterios se transforman en alas (como si estuvieran en el *segundo* segmento torácico), y

obtenemos la famosa mosca con cuatro alas. Y si *Ultrabithorax* se activa incorrectamente en el segundo segmento torácico, las alas se transforman en halterios, y tendremos una mosca sin alas (pero con cuatro halterios).

—Los genes selectores no saben hacer alas, ni halterios, ni brazos ni cabezas. Se limitan a *seleccionar* (de ahí su nombre) una estructura u otra de entre el repertorio de formas disponibles para cada especie. La decisión de cada gen selector suele ser binaria: o ala o halterio, o antena o pata, o vértebras dorsales o cervicales. Como veremos enseguida, cada zona del cuerpo es exactamente la que es gracias a la combinación de genes selectores que tiene activados. Ésta es otra propiedad fundamental de los genes selectores: que actúan de forma combinatoria.

—Los genes selectores siempre actúan regulando a redes completas y coherentes de otros genes (los genes *downstream,* o «realizadores» en la nomenclatura de García-Bellido). Una consecuencia de este hecho es que la unidad de acción del gen selector es la célula. Si una célula tiene activo un gen selector, la proteína selectora correspondiente se pega a decenas de genes *downstream* en la misma célula (nunca en otra célula). Cuando los genetistas inactivan artificialmente un gen selector en una sola célula, o lo activan en una sola célula incorrecta, *esa única célula cree estar en otra parte del cuerpo,* pese a que está rodeada por miles de células normales. Por ejemplo, si *Ultrabithorax* se inactiva artificialmente en una sola célula del halterio, ésta se convierte en una célula del ala. Lo normal, de todos modos, es que cada gen selector esté activo en una zona amplia del cuerpo, compuesta por muchas células vecinas.

—Pese a que la unidad de acción del gen selector es la célula, uno de los efectos que el gen selector tiene sobre esa célula es conferirle ciertas propiedades (adhesividad, coherencia) que afectan crucialmente a su interacción con las células vecinas. Por esta razón, las células que tienen activo el mismo gen selector (o mejor, la misma *combinación* de genes selectores) tienden a permanecer juntas, y a expulsar de su territorio a las células que tienen activas otras combinaciones de genes selectores.

Cada gen de la fila Hox es un gen selector, pero hoy se conoce otra docena de genes que también cumplen ese criterio. Su activación progresiva a lo largo del desarrollo va dividiendo y subdividiendo el cuerpo en zonas concretas, según un código combinatorio de genes selectores. Éste es un principio universal del desarrollo animal. Lo que nos interesa aquí destacar es que cada gen selector y su red de genes *downstream* es un módulo con el que la evolución puede jugar, la

simple duplicación de un gen selector, o su activación en un nuevo lugar o tiempo, genera un gran potencial evolutivo, porque el animal no tiene que construir gradualmente una operación compleja de diseño desde cero, sino que la *compra* de golpe como un paquete integrado. La nueva activación de un gen selector en un sitio insólito hasta entonces, o —en el caso de que el gen selector se haya duplicado — una pequeña divergencia de la copia, provoca después que el módulo preexistente se emplee en tiempos o lugares distintos, generando novedades morfológicas y funcionales de manera brusca y eficaz: evolución modular de pura cepa. La cuestión tiene una gran relevancia para los conceptos sostenidos aquí, y merece la pena examinarla con calma, porque en biología los detalles tienen a menudo tanta importancia como los principios abstractos.

El primer gen selector descubierto fuera de la fila Hox se llama *engrailed.* Tokunaga lo halló en la mosca en 1961, pero nuevamente fue García-Bellido quien interpretó correctamente su naturaleza en 1972: *engrailed* es un gen selector que otorga a cada segmento del cuerpo la propiedad «posterior», por oposición a «anterior». Cuando *engrailed* falla, la parte posterior de cada segmento se transforma (homeóticamente) en la parte anterior del mismo segmento: la parte posterior del ala se transforma en la parte anterior del ala (lo que resulta en un ala simétrica respecto a su eje mayor) y lo mismo pasa en el halterio, en las patas, en los segmentos del abdomen, en cada zona de la cabeza y en casi todo lo demás. La activación incorrecta de *engrailed* en la zona anterior de cualquier segmento tiene el efecto contrario: la transformación de la parte anterior en parte posterior. El gen *engrailed* encama la esencia de la «posterioridad» de cualquier segmento del cuerpo. Por supuesto, *engrailed* funciona en combinación con los genes de la fila Hox: la activación conjunta de *Ultrabithorax* y *engrailed* es lo que hace que la parte posterior del halterio sea una parte posterior del halterio, y no una parte posterior del ala o de cualquier otro segmento. La «posterioridad» se superpone a la identidad de cada segmento en el eje principal del animal, conferida por la fila Hox: a este tipo de comportamiento nos referíamos antes al decir que los genes selectores actúan de forma combinatoria.

Poco después de que Peter Lawrence visitara asombrado el laboratorio de «la escuela de Madrid», uno de los miembros del grupo español, Ginés Morata, se trasladó como posdoctoral al departamento dirigido por Francis Crick en Cambridge. Allí decidió estudiar la relación entre el gen *engrailed* y la subdivisión del cuerpo en unidades lógicas de desarrollo. El centro al que se desplazaba Morata era y sigue siendo un mito de la biología. Veinte años antes, Crick había

descubierto en el laboratorio Cavendish de Cambridge la doble hélice del ADN junto al estadounidense James Watson. El jefe de Crick, Max Perutz, había definido poco después la primera estructura de una proteína, la hemoglobina que transporta el oxígeno por la sangre. Crick y uno de sus colaboradores, el genial Sidney Brenner, habían establecido los fundamentos del código genético que constituye la esencia de la vida en la Tierra y, junto a los franceses Jaques Monod y François Jacob, habían descubierto los principios generales del funcionamiento de los genes en todos los seres vivos. No es exagerado decir que la biología molecular se creó en ese centro de investigación de élite. Poco antes de que Morata llegara a Cambridge, el laboratorio Cavendish se había desplazado a su actual ubicación, junto al hospital Adenbrooks de esa venerable ciudad británica, y se había rebautizado como Laboratorio de Biología Molecular del Medical Research Council. El director de una de sus unidades en la época era el propio Crick.

En esa unidad, Morata y Lawrence concentraron sus esfuerzos en el gen selector *engrailed*. El laboratorio de Madrid había descubierto que cada segmento de la mosca está dividido por una estricta frontera invisible en una parte anterior y una parte posterior (dos «compartimentos»). Morata y Lawrence demostraron que la activación de *engrailed* era lo que definía exactamente esa frontera: *engrailed* estaba activo en *todas* las células posteriores a esa línea recta, y en *ninguna* de las anteriores a ella. Si *engrailed* se inactivaba artificialmente en un grupo de células posteriores, éstas adoptaban el carácter de anteriores y —lo que es muy notable— tendían a cruzar la frontera para reunirse con sus nuevas colegas, las células de la zona anterior. Estos resultados establecieron por primera vez la base genética de la subdivisión del cuerpo en compartimentos.

Hoy sabemos dos cosas más: que *engrailed* existe en todos los animales y que es un familiar lejano de los genes Hox. Vimos en el capítulo 6 que los genes Hox comparten una secuencia de 180 letras en el ADN (o, lo que es lo mismo, 60 aminoácidos en la proteína Hox correspondiente) llamada *homeobox,* que es la responsable de que la proteína Hox pueda pegarse a los genes *downstream* y regularlos. Pues bien, el gen *engrailed* tiene también una *homeobox,* y ello hace que la proteína *engrailed* pueda pegarse a otros genes y regularlos, como es de rigor en un gen selector.

La frontera invisible descubierta por el grupo de Madrid, que no es más que la interfase entre las células que tienen *engrailed* activado y las que no, constituye uno de los principios generales del diseño de todos los animales. Las fronteras de este tipo son las principales

referencias que las células utilizan para saber dónde están y actuar en consecuencia: un tipo de operaciones abstractas con las que ya nos hemos encontrado en los capítulos anteriores, y que lo mismo se pueden usar para organizar los segmentos del cuerpo de la mosca que para dibujar los círculos que decoran las alas de las mariposas, o durante la subdivisión en zonas del cerebro humano en desarrollo. Hay varios sistemas genéticos que sirven para esa operación abstracta. Uno de ellos ya lo vimos en el ejemplo de los segmentos y los dibujos de las mariposas. Es el grupo de *genes de polaridad segmental,* y constituye un caso flagrante de módulo evolutivo: una red genética coherente que la evolución puede reclutar íntegramente para crear novedad de modo brusco. De hecho, *engrailed* es en cierto sentido un gen selector, y en otro sentido un gen de polaridad segmental. Ese carácter dual puede ser consecuencia de su antigüedad evolutiva: algo muy parecido a *engrailed* existía antes de Urbilateria, y antes que los genes Hox propiamente dichos.

Los Hox son genes selectores, y *engrailed* también. Hay otros cuatro genes selectores que están universalmente relacionados con el desarrollo de los apéndices (patas, alas, antenas, brazos, piernas). En la mosca se llaman *homothorax, Distaless, apterous* y *vestigial,* pero existen con otros nombres en todos los animales desde Urbilateria. Curiosamente, los tres primeros tienen también una *homeobox,* como todos los genes selectores que hemos visto hasta ahora. Es decir, son familiares lejanos de los genes Hox. Los cuatro genes actúan regulando a redes de genes *downstream.* Su esquema general de funcionamiento se resume fácilmente: *homothorax* es un gen selector que define la parte del tronco inmediatamente adyacente a cualquier apéndice, y los otros tres son genes selectores que definen los apéndices propiamente dichos. En la mosca, *Distaless* define las patas y las antenas, y *vestigial y apterous* definen las alas y los halterios. Las curiosidades asociadas a estos genes ya no sorprenderán a nadie: la activación incorrecta de *vestigial,* por ejemplo, genera trozos de ala en la cabeza o en las patas de la mosca. Si esa activación incorrecta ocurre en combinación con *Ultrabithorax,* lo que se generan son trozos de halterio en vez de trozos de ala: otro ejemplo de las propiedades combinatorias de los genes selectores. El equivalente humano del gen *vestigial,* que se llama *Tondu,* es capaz de curar a una mosca que tenga destruido su propio gen *vestigial.* Y, por supuesto, lo que le restaura a la mosca es una ala, no un trozo de cuerpo humano. En fin, ya vamos estando acostumbrados a estas cosas, que implican que no sólo los genes selectores son los mismos en todos los animales, sino que también la red de genes *downstream* es en gran parte igual: cada gen selector y su

red de genes *downstream* constituye un módulo evolutivo.

Otro gen selector, llamado *eyeless,* se ocupa de organizar el desarrollo del ojo de todos los animales. ¡De cualquier ojo de cualquier animal! Las mutaciones de este gen eliminan el ojo en la mosca, y las mismas mutaciones (que en ratones se llaman *small eye,* y en el ser humano *Aniridia)* tienen el mismo efecto en los mamíferos. El gen *eyeless* de cualquiera de estas especies es capaz de inducir la formación de ojos completos en las patas, las alas o las antenas de la mosca. Se trata de un gen selector por todos los criterios expuestos y —de nuevo— contiene una *homeobox.*

Mencionemos, para acabar, otro grupo de genes selectores recientemente clasificados por Morata que se ocupan, al menos en Drosophila, de dividir el cuerpo en franjas longitudinales: no en segmentos (que son franjas transversales), sino en franjas perpendiculares a los segmentos. El gen selector *pannier* define el lomo: una franja alargada que va desde la nuca hasta donde la espalda pierde su casto nombre. El triple gen selector *iroquois* define la siguiente franja alargada, a los dos lados del lomo. Otro gen selector llamado *teashirt* añade otra franja adyacente a la anterior, etcétera. Si falla *pannier,* el lomo se transforma homeóticamente en una copia de la parte lateral, y así sucesivamente. Todos estos nuevos genes selectores funcionan regulando redes de genes *downstream,* de forma combinatoria con otros genes selectores, y casi todos tienen una homeobox.

En conjunto, Morata y su colega Richard Mann, de la Universidad de Columbia en Nueva York, han enumerado 21 genes selectores en la mosca: los 10 de la fila Hox y otros 11 en distintos lugares del genoma. De ellos, 17 tienen homeobox —los genes Hox y sus familiares lejanos— y los otros cuatro disponen de estructuras distintas para pegarse a redes coherentes de genes *downstream* y regular su actividad. Casi todos (tal vez todos) existen en todos los animales bilaterales, y en muchos casos se ha comprobado que son intercambiables entre una especie y otra. Todos funcionan regulando redes coherentes de genes *downstream,* y todos definen zonas del cuerpo. Donde se cruzan dos o más de esas zonas, los genes selectores actúan combinatoriamente. Al menos algunos (probablemente muchos) de los genes *downstream* son comunes a muchos genes selectores, y las diferencias entre unos genes selectores y otros suelen ser de afinidad por los genes *downstream.*

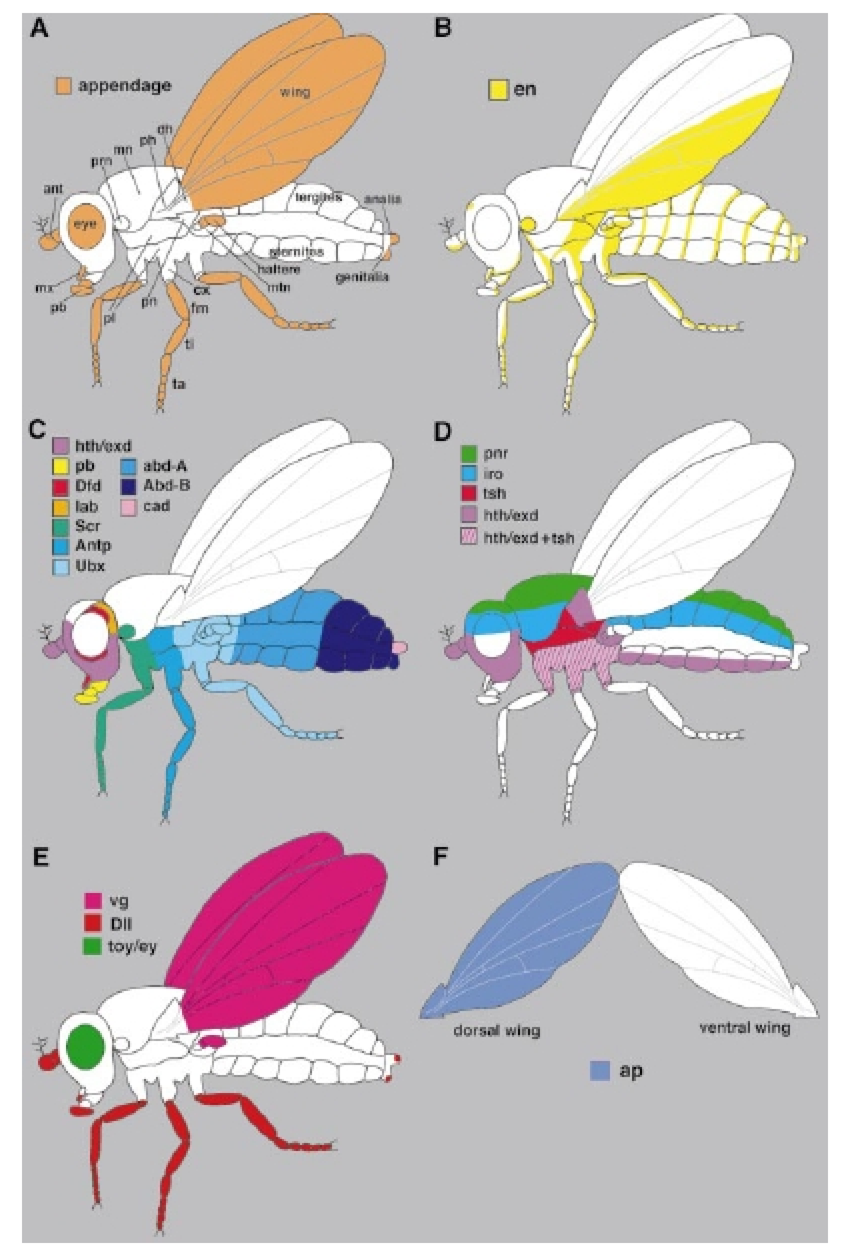


FIGURA 12.1: Tipos de genes selectores clasificados por Ginés Morata y Richard Mann.

La mejor manera de visualizar este esquema universal de diseño animal es como una cuadrícula: unos genes selectores dividen el cuerpo en segmentos transversales, o cada segmento en dos mitades, pero otros lo dividen en franjas longitudinales que abarcan a casi todos los segmentos —lo que ya resulta en una cuadrícula—, y aun otros subdividen cada uno de esos cuadros en cuadros más pequeños para distinguir los apéndices propiamente dichos de su anclaje en el

tronco, o las partes dorsal y ventral de cada apéndice, etcétera. Cada casilla de la cuadrícula viene definida por una combinación particular de genes selectores activos, pero todos ellos actúan en gran medida sobre *los mismos* genes *downstream:* compitiendo por su atención y activando distintos subconjuntos más o menos, o antes o después, debido a sus diferentes afinidades por cada uno de ellos. Dentro de cada casilla de la cuadrícula, algunos genes selectores muy antiguos, como *engrailed,* conectan los límites de la casilla (las fronteras) con otros módulos genéticos como los genes de polaridad segmental, que usan la frontera como referencia para que las células sepan dónde están dentro de la casilla y respondan en consecuencia. El cuerpo de cada animal está hecho enteramente de módulos morfológicos definidos por módulos genéticos combinatorios.

¿Qué implica todo esto para el asunto que nos ocupa, que es describir las pautas generales de la evolución? Los espectaculares efectos de las mutaciones en los genes Hox (como la famosa mosca de cuatro alas) se conocen desde tiempos de Calvin Bridges, pero la ortodoxia darwinista ha preferido siempre descartarlos como motor de la evolución, con el argumento de que son sucesos raros, una especie de divertimentos de laboratorio, y de que reducen drásticamente la viabilidad del individuo mutante. Lo que pasa en la mosca de cuatro alas es lo siguiente: el gen Hox *Ultrabithorax,* que es el responsable de que el tercer segmento torácico tenga dos halterios en lugar de dos alas, funciona bien durante la etapa embrionaria, pero en las fases tardías del desarrollo no se activa adecuadamente, lo que provoca que los halterios se transformen en alas (cuando el gen *Ultrabithorax* se inactiva por completo, el embrión muere a las pocas horas de empezar su desarrollo). Estos fenómenos no tienen nada de extraordinario. La parte reguladora de cada gen Hox (el tramo de ADN que le dice al gen Hox que tiene al lado dónde y cuándo debe activarse) es complicada, pero se trata de una mera suma de elementos reguladores bastante simples. Uno de ellos le dice a *Ultrabithorax* dónde y cuándo debe activarse en el embrión, y otro distinto se ocupa de activarlo más tarde en la región de los halterios. Nada impide destruir el segundo sin tocar el primero y, de hecho, hay decenas de mutaciones de esta clase que no han sido causadas por los científicos, sino que han aparecido espontáneamente en sus *stocks* de moscas. Cualquier genetista de *Drosophila* sabe que este tipo de cosas pasan continuamente en el laboratorio y en la naturaleza, y sostener que son irrelevantes para la evolución es una opción teórica, por así decir, arriesgada.

Las alteraciones en las pautas de activación de los genes Hox han tenido un papel indudable, aunque aún no se sabe si muy frecuente,

en la generación de la diversidad animal que observamos a nuestro alrededor. Dos ejemplos notables son la diversificación de las vértebras y la formación de las extremidades de los vertebrados terrestres a partir de las aletas de los peces. El caso mejor conocido, sin embargo, es el de la evolución de los apéndices de los crustáceos (el grupo de las gambas, las nécoras y los centollos). Los crustáceos más primitivos tienen en la cabeza unos apéndices muy pequeños que les sirven para arrastrar la comida hacia la boca, y en el tórax despliegan un tipo muy diferente de apéndices locomotores, grandes y con forma de pluma, que les sirven para nadar. Nipam Patel, de la Universidad de Chicago, y Michalis Averof, del Laboratorio Europeo de Biología Molecular, en Heidelberg (Alemania), han mostrado que, en estos crustáceos primitivos, el gen *Ultrabithorax* está activo desde el primer segmento torácico hacia atrás: ese gen Hox es el que especifica los grandes apéndices natatorios. En los crustáceos más modernos que solemos ver en nuestros platos, como las gambas y las langostas, el gen *Ultrabithorax* no se activa desde el primer segmento torácico, sino desde varios segmentos más atrás. Como resultado, esos segmentos torácicos ya no desarrollan los grandes apéndices natatorios de sus ancestros, sino algo mucho más parecido a los pequeños apéndices de la cabeza: los zoólogos los denominan «maxilípedos», pero tampoco es momento de amargarle a nadie la comida. En cualquier caso, el ejemplo de los crustáceos muestra a las claras que las alteraciones en la pauta de activación de la fila Hox pueden tener rápidos y drásticos efectos modulares en la evolución. La fila Hox inventada por Urbilateria es un sistema tan complejo e interesante que basta darle una patada para que pase algo espectacular.

Los otros genes selectores están todavía menos estudiados, pero es perfectamente posible que la evolución modular haya jugado también con ellos: mediante duplicación y divergencia, o bien mediante alteraciones en su zona reguladora que los activen en nuevos tiempos y lugares, con el consiguiente nuevo despliegue de toda su batería de genes *downstream*. Las posibilidades son obviamente muy amplias, pero en biología la prudencia aconseja refrenar esos delirios teóricos, o al menos guardarlos en un cajón mientras llegan los datos. El lector puede hacer algunos ensayos en el papel o en el ordenador, siempre que no se los enseñe a nadie.

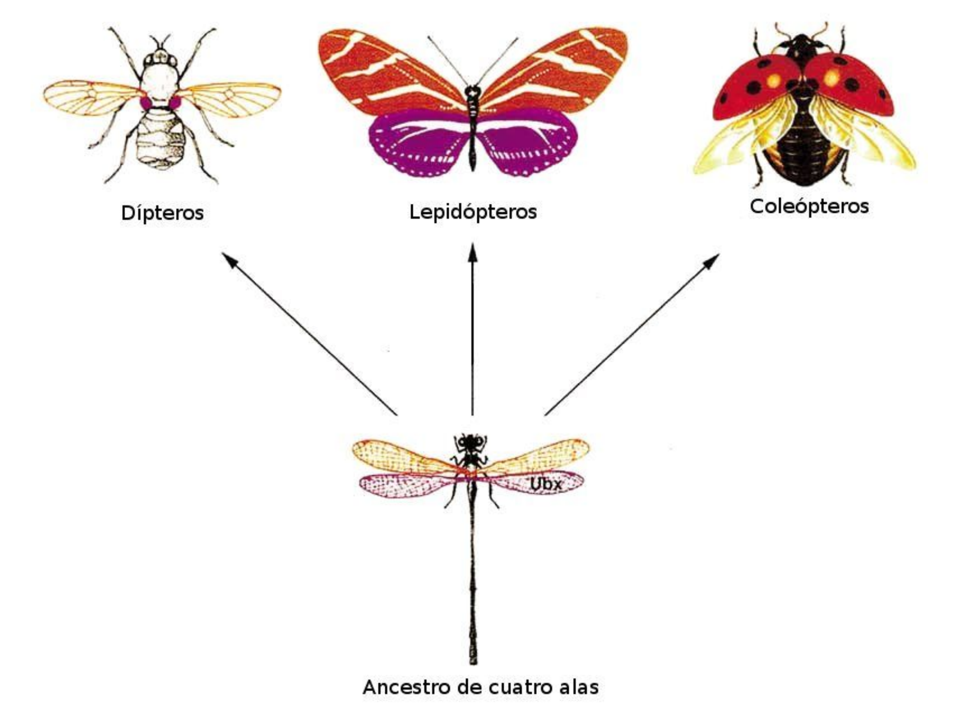


FIGURA 12.2: Los genes Hox son un sistema de diseño constante, pero sus modulaciones generan la asombrosa diversidad animal que nos rodea.

No quisiera, sin embargo, acabar este capítulo sin retomar brevemente nuestro problema evolutivo estrella, que es el origen del asombroso Urbilateria. Vimos que la única esperanza de poder entender el origen del eje anteroposterior de Urbilateria —una solución única en la historia de la vida animal— era la evolución modular: la repetición, por una serie rápida de duplicaciones genéticas, de un módulo básico preexistente en los animales diploblásticos como las hidras, las medusas y las anémonas. Ese módulo consistía en un gen Hox original y toda su batería coherente de genes *downstream* de donde se infería que todos los genes de la fila Hox debían compartir en gran medida la misma red de genes *downstream.* Pero el eje anteroposterior no fue la única innovación radical de Urbilateria. Aquel extraordinario animal también inventó, entre otras varias cosas, los sistemas genéticos complejos que todos los animales seguimos utilizando para formar los ojos, los apéndices y varios órganos internos. Y es nuevamente la evolución modular la única que puede venir en nuestra ayuda para explicar esta nueva batería de enigmas. Hemos visto en este capítulo que también los ojos y los apéndices dependen de genes selectores, y que muchos de ellos tienen una homeobox, lo que permite inferir que son familiares lejanos de los genes de la fila Hox. Un aspecto esencial es que al

menos algunos de los genes selectores que dirigen la formación del ojo *(eyeless)* y los apéndices *(Distaless)* existían ya en los metazoos diploblásticos, mucho antes de que Urbilateria entrara en escena, y a pesar de que aquellos primitivos organismos radiales carecían con toda seguridad de ojos y de apéndices.

El gen *Distaless,* de hecho, es parecido al precursor del que derivaron después todos los miembros de la fila Hox por duplicaciones sucesivas, según se puede deducir de las comparaciones de secuencia de ADN, y por lo tanto no es descabellado suponer que este gen ya tenía bajo su control algunos genes *downstream* coherentes, posiblemente implicados en los mecanismos de desarrollo, regeneración y proliferación celular, en los metazoos diploblásticos que precedieron a Urbilateria. Hay evidencias de que, incluso hoy, *Distaless* es capaz de reconocer a algunos de los mismos genes *downstream* que la fila Hox, puesto que actúa con éstos de forma combinatoria. Por ejemplo, cuando *Distaless* y el gen Hox *Ultrabithorax* coinciden (artificialmente) en la región del halterio, éste se transforma en una pata. Pero si con quien coincide *Distaless* es con el gen Hox *caudal,* el resultado es una estructura anal. Estos hechos son compatibles con la idea de que *Distaless* y sus genes *downstream* formaban un módulo en los metazoos más primitivos, y que la duplicación de ese módulo dio lugar mucho después a la fila Hox.

¿Y *eyeless,* el selector de los ojos? Se le pueden aplicar argumentos similares. Hemos visto que este gen con homeobox, añadido artificialmente a la mosca (no importa de qué especie animal provenga el gen) es capaz de inducir la formación de ojos. Pero esos ojos nunca se forman en el tronco principal del cuerpo de la mosca: siempre se forman en un apéndice, y esto puede indicar que *eyeless* actúa de forma combinatoria con otros genes selectores, es decir, que comparte con ellos algunos genes *downstream.* David Miller, de la Universidad James Cook, en Townsville (Australia), ha encontrado un precursor del gen *eyeless* en el coral *Acropora millepora,* un primitivo metazoo diploblástico muy anterior a Urbilateria. Los corales, por supuesto, no tienen ojos, pero sí neuronas, y este antiquísimo ancestro del gen *eyeless* ya estaba activo en las neuronas, y tal vez estaba implicado en su diferenciación. Los pasos iniciales de la formación de un ojo, recordemos, tienen mucho que ver con la diferenciación de las neuronas fotorreceptoras. Dijimos antes que los genes de la fila Hox eran probablemente descendientes de *Distaless,* el gen selector de los apéndices. Pues bien: *eyeless* es obviamente otro familiar de *Distaless,* puesto que ambos comparten la homeobox. Según las ideas defendidas aquí, es posible que el módulo formado por *Distaless* y su red de genes

downstream sea el precursor evolutivo del módulo formado por *eyeless* y sus genes *downstream.* Es decir, que los ojos sean descendientes evolutivos de los apéndices casi da risa, pero es coherente con las ideas expuestas aquí.

Si cabe extraer un mensaje de la genética del diseño animal es que, pese a toda la fascinante variedad de formas que la zoología exhibe ante nuestros asombrados ojos, la evolución es infinitamente más conservadora de lo que nadie había imaginado hasta hace sólo unos años: jamás parece construir nada desde cero, y hasta los procesos evolutivos generadores de complejidad aparentemente más rápidos, a los que creíamos capaces de convertir unas simples células de la piel en un ojo cuantas veces lo exigieran las presiones del ambiente, hunden profundamente sus complejas raíces en Urbilateria, y en parte incluso más atrás. El ancestro de todos los animales bilaterales se construyó a base de módulos genéticos, y la evolución posterior se ha basado en gran medida en plagiar, duplicar, reutilizar y recombinar esos módulos prácticamente intactos. François Jacob dijo que la evolución es una chapucera, pero se le olvidó añadir que también es una inconmensurable perezosa.

13

Evolución humana: un caso práctico

¿Qué tiene que decir el pensamiento evolutivo sobre la naturaleza humana? Todo en un sentido, porque nuestro cerebro es el resultado de la evolución. Nada en otro, porque las altas funciones de la inteligencia —la formación de conceptos, la manipulación de abstracciones, la lógica, el lenguaje, la percepción ética, las tendencias estéticas, la creatividad—, por mucho que sean meras propiedades de un órgano creado por la evolución, son también capaces de generar un tipo de conocimiento independiente de sus raíces biológicas, y menos condicionado por la zoología que por la experiencia, el aprendizaje y la acumulación de cultura. Estas dos posiciones extremas, que suelen percibirse como excluyentes y contradictorias, han sustanciado algunas de las guerras científicas más perdurables y encarnizadas del siglo XX, que en gran medida siguen abiertas y nos acompañarán, sin la menor duda, durante buena parte del XXI.

Darwin reflexionó incesantemente sobre la evolución del cerebro humano, y tomó muchas notas durante 30 años, pero no tenía la menor intención de publicarlas. Bastante barahúnda se había liado ya con *El origen de las especies* como para andar echando leña al fuego con la más escandalosa de sus implicaciones: que el alma humana no era la cima perfecta de la Creación, el más sublime diseño que había salido del laboratorio divino, sino una simple desviación evolutiva, tal vez no demasiado brillante, del estúpido cerebro de un mono. Cualquiera aguantaba otra vez a la grey del obispo Wilberforce. Darwin sólo se animó a dar a la imprenta el manuscrito de su obra sobre la evolución humana, *The Descent of Man,* en 1871, doce años después del Origen, tras comprobar que el evolucionismo había seducido ya a algunos naturalistas de su generación, y a casi todos los científicos más jóvenes. Se dice a veces que la ciencia no progresa por persuasión, sino por fallecimiento, y algo habrá de verdad en ello. Una buena muestra de la autoconfianza que Darwin había adquirido por

esas fechas se puede leer en la introducción del libro:

> La conclusión de que el hombre es co-descendiente con otras especies de alguna forma antigua, primitiva y extinta no tiene nada de nueva. Lamarck llegó hace mucho a esa misma conclusión, que recientemente ha sido sostenida por varios naturalistas y filósofos eminentes, como Wallace, Huxley, Lyell, Vogt, Lubbock, Büchner, Rolle y, especialmente, Häckel. […] El doctor Fancesco Barrago ha publicado (1869) otro trabajo, titulado en italiano: «El hombre, hecho a imagen de Dios, también fue hecho a imagen del mono».

Una de las cosas que más interesan a Darwin en esa obra es documentar que los seres humanos actuales presentan muchas variaciones cuantitativas en su capacidad mental, y que gran parte de ellas son heredables. Es lógico, puesto que ésos son los elementos necesarios para que opere la selección natural:

> La variabilidad o diversidad de las facultades mentales entre hombres de la misma raza, para no mencionar las diferencias aún mayores entre hombres de distintas razas, es tan notoria que no hace falta decir aquí ni una palabra más. […] Pese a gustos y hábitos especiales, la inteligencia general, el valor, el buen o mal carácter, etcétera, son ciertamente transmitidos [hereditariamente, tanto en los animales domésticos como en casi cualquier familia humana]. Y ahora sabemos, gracias al admirable trabajo del señor Galton, que el genio, que implica una combinación de altas facultades maravillosamente compleja, tiende a ser heredado; por otro lado, es obvio que la locura y los poderes mentales deteriorados tienden también a agruparse en familias.

Si la especie humana posee hoy un gran repertorio de variación heredable y continua en sus capacidades mentales, es obvio que lo mismo habrá ocurrido en cualquier momento pasado, durante la evolución de la especie a partir de sus simiescos orígenes, y por tanto será posible que la selección natural sea la principal (o la única) responsable de la evolución del cerebro humano. Curiosamente, el codescubridor del mecanismo de la selección natural, Alfred Russell Wallace, había publicado dos años antes (1869) un artículo en el que consideraba imposible que el cerebro humano hubiera evolucionado gracias a ese mecanismo, y Darwin no pudo resistirse a polemizar con

él:

> El descubrimiento del fuego, probablemente el mayor logrado nunca por el hombre, excepto el lenguaje, data de antes del amanecer de la historia. Estas invenciones, por las que el hombre en el estado más rudo se ha vuelto tan preeminente, son el desarrollo directo de sus poderes de observación, memoria, curiosidad, imaginación y razón. No puedo, por lo tanto, comprender cómo es que el señor Wallace sostiene que «la selección natural sólo podría haber dotado al salvaje de un cerebro un poco superior al de un mono».

Darwin celebró el presunto hallazgo, publicado dos años antes (1869) por J. Bernard Davis, de que la capacidad craneal formaba un espectro continuo en la humanidad actual, con un máximo en los europeos, un mínimo en los australianos aborígenes y varios grados intermedios en otras colonias del Imperio; y hasta dio por bueno, en la segunda edición de *The Descent of Man* (1874), un trabajo de 1873 en el que Broca decía demostrar que los cráneos parisinos del siglo XIX eran significativamente mayores que los del siglo XII. Darwin aceptó también con todo desparpajo las tesis de Lubbock, que aducían la incapacidad de cierta tribu salvaje para contar más allá del número cuatro como una prueba irrefutable de que su inteligencia era inferior, aunque admitía —gracias a Dios— que incluso esas formas primitivas de la mente humana estaban todavía por encima del raciocinio de un mono. La obsesión de Darwin era demostrar que las altas funciones de la inteligencia humana, por muy asombrosas que pudieran parecer, no eran cualitativamente distintas de las capacidades cerebrales de un primate o cualquier otro animal, sino que suponían una simple mejora cuantitativa respecto a ellas, y cualquier supuesta diferencia de inteligencia entre etnias o poblaciones humanas le venía al pelo en apoyo de sus ideas. Darwin se esforzaba por aplicar los esquemas conceptuales del gradualismo al monumental problema de la evolución del intelecto: gradualismo en el pasado y en el presente, desplegado a lo largo del tiempo o a lo ancho de la geografía imperial. Eso era lo que requería su teoría de la selección natural si quería hacerse responsable de la evolución del cerebro humano.

Los evolucionistas actuales ya no piensan en esos términos. Los seres humanos contemporáneos no sólo forman obviamente una única especie, sino que su llegada al mundo es tan reciente que la escasa variabilidad actual en las capacidades mentales de unos y otros individuos resulta por completo despreciable en comparación con el

foso que nos separa de nuestros parientes vivos más próximos, los chimpancés. Pero si bien los ejemplos citados por Darwin no resistirían hoy un somero análisis, el objetivo final de su argumento, una vez despojado de sus embarazosos sesgos racistas, permanece esencialmente válido: la inteligencia humana nos puede parecer cualitativamente distinta de la de cualquier otro animal, pero nada impide tratarla biológicamente como el último eslabón de un continuo histórico. La razón del salto cualitativo que apreciamos hoy entre los humanos y los monos es, simplemente, que las formas intermedias de la evolución del cerebro se han extinguido. Por expresarlo en palabras de Stephen Jay Gould:

> Estamos relacionados con los chimpancés (y a más distancia con cualquier otra especie) por cadenas completas de formas intermedias [...]. Pero todas esas formas intermedias están extintas y, en consecuencia, el salto evolutivo entre los chimpancés y los humanos modernos aparece como absoluto e inviolable. En este sentido genealógico, que es el crucial, todos los seres humanos comparten igual estatus como miembros de la especie *Homo sapiens*. En términos biológicos, con las especies definidas por sus conexiones históricas y genealógicas, el más deficiente mental de entre nosotros es tan enteramente humano como Einstein. (GOULD, 1999.)

El reto al que nos enfrentamos no es, por lo tanto, explicar las diferencias intelectuales entre los seres humanos actuales, que se pueden considerar nimias a todos los efectos biológicos, sino entender cómo surgieron durante nuestra historia evolutiva las asombrosas capacidades mentales que todos los miembros de la especie *Homo sapiens* tenemos en común. En particular, nuestra capacidad para comprender, formar, manipular y comunicar conscientemente conceptos abstractos.

Lo primero que debemos preguntarnos es qué nos dice sobre esta cuestión la paleoantropología, la disciplina que estudia la evolución humana en el registro fósil. La discusión siempre ha sido y sigue siendo muy activa en este campo, por expresarlo de una manera suave. Pero no es arriesgado afirmar que el árbol que forma el registro fósil de nuestros antepasados directos, un tipo de primates extintos a los que los paleontólogos llaman homínidos, podría utilizarse sin sonrojo como una diapositiva en cualquier conferencia sobre la teoría del equilibrio puntuado de Gould y Eldredge, que vimos en el capítulo 5.

La mayoría de los antropólogos creen que, desde la entrada en escena del *Australopithecus anamensis* en las orillas del Lago Turkana (Kenia), hace 4,2 millones de años, han evolucionado en África no menos de una veintena de especies *distintas* de homínidos. Con pocas excepciones, cada especie permanece estable durante toda su existencia —«no parece ir a ningún lado evolutivamente hablando», por usar la frase de Eldredge—, y casi todo el cambio evolutivo que conduce desde aquel mono hasta la única especie de homínido actualmente viva, el *Homo sapiens,* aparece casi exclusivamente asociado a la aparición rápida de nuevas especies. Al menos tres autoridades contemporáneas en la evolución humana, Ian Tattersal, Jeffrey Schwartz y Juan Luis Arsuaga, consideran que la historia de nuestro linaje se puede representar mejor con los esquemas conceptuales del equilibrio puntuado (cambio rápido y restringido a los sucesos de especiación) que mediante la acción permanente, continua y gradual de la selección natural. En palabras de Arsuaga:

> La evolución humana se ha visto muchas veces como una historia de progreso incesante, que sigue una dirección neta y sin vacilaciones en su avance hacia la complejidad. [...] Los fundadores de la síntesis [neodarwinista] adoptaron al principio un esquema lineal para la evolución humana, fiel a su pensamiento de que es este modo de evolución, y no la especiación, el responsable de las tendencias evolutivas. [...] El tiempo, sin embargo, ha ido desvelando una geometría de la evolución humana muy ramificada, más acorde con la visión propia del equilibrio puntuado, que favorece la cladogénesis o evolución por escisión, frente a la anagénesis o evolución lineal. (ARSUAGA, 2001.)

Esto no quiere decir que los homínidos hayan evolucionado al margen de la selección natural. Recordemos que, según uno de los formuladores del equilibrio puntuado, Niles Eldredge, esta teoría no necesita mecanismos ajenos a la mera selección natural, siempre que ésta actúe muy rápido durante las infrecuentes crisis, o «puntuaciones», que conducen a la formación de una nueva especie. Además, los fósiles de homínidos presentan convincentes signos de adaptación al entorno cambiante, y ello debe considerarse una prueba de la selección natural en acción: la única teoría sólida de la que disponemos para explicar que la genética de un organismo se adapte al entorno es la selección natural. Lo que ocurre, como hubieran predicho Gould y (sobre todo) Eldredge, es que esos cambios

adaptativos ocurren a menudo en los sucesos de especiación. El resto del tiempo, las especies de homínidos permanecen esencialmente estables. Por ejemplo, el ya mencionado *Australopithecus anamensis,* un primate no muy diferente de un chimpancé, fue uno de los primeros homínidos (tal vez el primero, aunque esto está en cuestión) en adoptar una postura bípeda, y exhibía unas muelas grandes y fuertes, apropiadas para comer productos vegetales duros y pobres en calorías: dos probables adaptaciones al paisaje relativamente seco y despejado de árboles en que le tocó evolucionar a esta especie, un entorno muy distinto de la selva frondosa y húmeda en la que vivieron sus precursores del género *Ardipithecus.* Pero las cualidades morfológicas de los *Australopithecus anamensis* no se modificaron durante toda la existencia de este homínido, que se prolongó en tierras africanas durante unos 300.000 años (véase la figura 13.1).

Coincidiendo más o menos con su desaparición, hace 3,9 millones de años, surgen los primeros representantes de una especie distinta, *Australopithecus afarensis*, a la que pertenece la famosa Lucy, un esqueleto femenino fósil nombrado así en referencia a una canción de John Lennon (*Lucy in the Sky with Diamonds,* y cuidado con las iniciales de ese título). Al igual que sus predecesores inmediatos de la especie *anamensis*, Lucy y los suyos vivieron en Etiopía y Tanzania, pero no hay en la zona ninguna evidencia de una transición gradual entre ambas formas. Y el salto no es trivial. Según Arsuaga, «la morfología de todo el esqueleto [del *Australopithecus afarensis*], desde la base del cráneo hasta los huesos del pie, se ha modificado para hacer eficaz la bipedestación». Esta especie nunca utilizó herramientas, pero sí *inventó* una mano con el pulgar enfrentado a los demás dedos, útil para agarrar semillas y otros objetos naturales pequeños. Todas estas características son posiblemente adaptaciones, pero el caso es que aparecen ya formadas en el ejemplar fósil más antiguo de esta especie y luego permanecen constantes durante el millón de años que *Australopithecus afarensis* dura en el mapa. El cerebro era pequeño cuando apareció la especie, y así siguió durante toda su estancia en el mundo de los vivos.

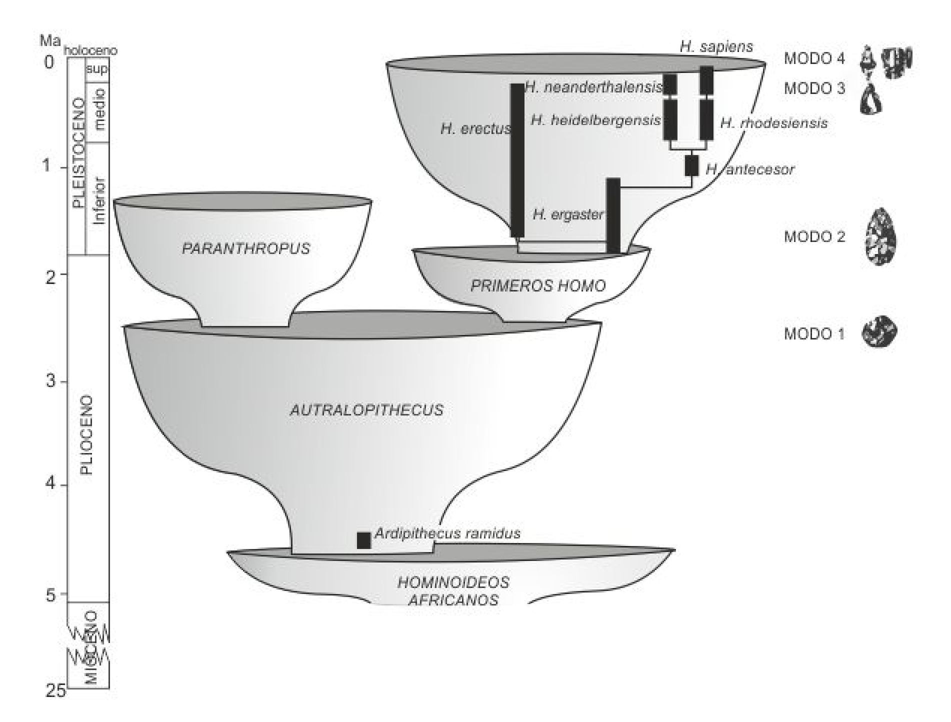


FIGURA 13.1: La evolución de nuestra especie (tomada aquí de Juan Luis Arsuaga) dibuja un árbol típico del equilibrio puntuado, con especies estables, y cambios restringidos a los sucesos de formación de nuevas especies.

Lucy y los suyos se extinguieron hace 2,9 millones de años. Durante el siguiente millón y medio de años aparecieron en distintos lugares de África otras seis especies distintas de *Australopithecus,* cada una de ellas estable durante los cientos de miles de años que perduró. En cualquier caso, toda esta vía evolutiva se extinguió por completo hace 1,5 millones de años sin haber salido de África y sin haber experimentado un aumento en el tamaño del cerebro. Hasta aquí llegaron los *Australopithecus.*

El género *Homo* al que pertenecemos hizo su aparición, también en Etiopía, hace unos 2,5 millones de años, y por lo tanto coexistió con varias especies de *Australopithecus* durante casi un millón de años. La aparición del género *Homo* coincide con las primeras herramientas de piedra tallada, que, pese a su tosquedad, permitieron a nuestros ancestros despiezar y deshuesar a los animales, e incorporar así la carne a su dieta. Una de las primeras especies de este género, el *Homo habilis,* tenía aún las dimensiones aproximadas de un chimpancé, pero mostraba desde su aparición una cara más pequeña y un cerebro más grande que el de los chimpancés y los *Australopithecus.* El cerebro del *Homo habilis* ya era así desde que la especie apareció, y permaneció en ese tamaño durante los 300.000 años de su permanencia en la Tierra.

Aparentemente, fue precisa la aparición (también en Etiopía y hace cerca de dos millones de años) de una especie distinta, *Homo erectos,* para que el cerebro creciera de nuevo. El surgimiento de esta especie coincide con el de un tipo de herramienta de piedra más avanzado que el de *Homo habilis.* No hay signos de una transición gradual entre *Homo habilis* y *Homo erectus.* De hecho, ambas especies surgieron casi a la vez, aunque *Homo erectos,* el de mayor cerebro, siguió vivo muchísimo después de que *Homo habilis* se hubiera extinguido. *Homo erectus,* cuyas piernas le permitían andar largas distancias, fue el primer homínido que salió de África, hace 1,8 millones de años, coincidiendo con el inicio del Pleistoceno. Poco después se extendió por toda Asia, llevando consigo su tosca tecnología de la piedra tallada.

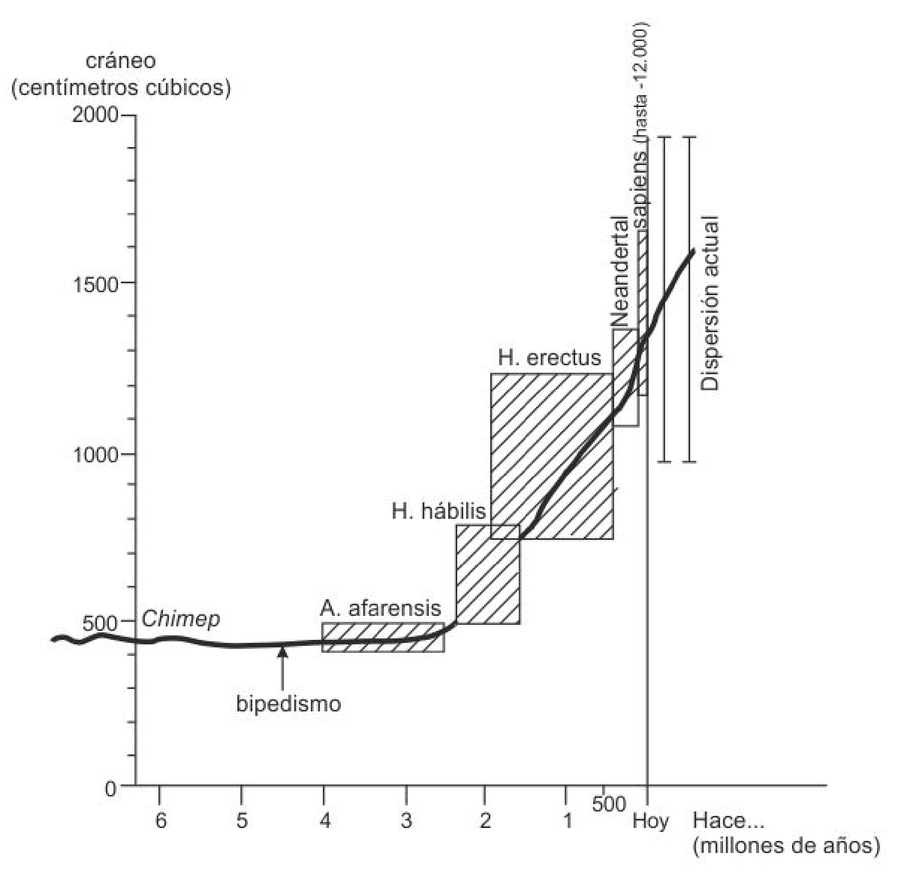


FIGURA 13.2: El aumento del tamaño del cerebro ha sido progresivo (siga la línea negra), pero no gradual (cajas rectangulares de cada especie).

Gracias al asombroso yacimiento de Atapuerca (Burgos), cuyas excavaciones codirige el propio Arsuaga, hemos podido saber que una

especie probablemente derivada de *Homo erectus,* bautizada por los científicos españoles como *Homo antecessor,* debió surgir en África hace algo más de 800.000 años, y luego migró hacia Europa (sus restos en Atapuerca tienen 800.000 años). Aquí el cuadro empieza a complicarse. La mayoría de los antropólogos ve actualmente el resto de la evolución humana como una serie de migraciones discretas procedentes de África hacia el resto del Viejo Mundo: primero salió *Homo erectus* (hace 1,8 millones de años), luego tal vez *Homo antecessor* (hace unos 800.000 años), luego una especie de «preneandertal» a la que muchos científicos prefieren denominar *Homo heidelbergensis* (hace 500.000 años) y, por último, hace tan sólo 100.000 años (o quizá menos), nuestra propia especie, *Homo sapiens.* Según el punto de vista mayoritario entre la profesión, cada una de estas olas migratorias desplazó enteramente a los anteriores homínidos: como eran especies distintas, no se cruzaron con los pobladores eurasiáticos que les precedieron (o, si se cruzaron, no dejaron descendencia fértil), sino que tomaron ventaja de su mayor capacidad cerebral, vencieron en la competencia por el hábitat y acabaron provocando la extinción de la especie precedente. Cada oleada salida de África habría reemplazado por completo a la anterior oleada salida de África.

Algunos paleoantropólogos, sin embargo, nunca han aceptado del todo este punto de vista. Milford Wolpoff, de la Universidad de Michigan (Estados Unidos), y un pequeño grupo de científicos díscolos agrupados en la escuela antropológica llamada «multirregionalista», aceptan en sus líneas generales la historia de las oleadas africanas sucesivas, pero no creen que cada una reemplazara por completo a la anterior. Consideran más probable que cada oleada africana se cruzara parcialmente con los anteriores pobladores eurasiáticos. Y también creen que los datos encajan mejor con un modelo en el que la evolución humana ha ocurrido principalmente, pero *no enteramente,* en África. El *Homo erectus,* según estos autores, experimentó cierta evolución en tierras asiáticas, y también intercambió algunos genes (por el venerable procedimiento de la copulación) con cada nueva oleada salida del continente africano.

El yacimiento de Atapuerca tiene mucho que decir sobre este punto. Arsuaga lleva tiempo sintiéndose incómodo con la teoría dominante de las oleadas con sustitución completa, y ello por una razón muy sólida: el *Homo antecessor* que vivió en Atapuerca hace 800.000 años muestra signos morfológicos de *estar evolucionando* hacia el «preneandertal» (u *Homo heidelbergensis),* la especie dominante en Europa hace entre 500.000 y 300.000 años, que

también dejó restos en Atapuerca. Y este «preneandertal», a su vez (y como su nombre indica), revela signos obvios de *estar evolucionando* hacia el Neandertal, que colonizó Europa y Oriente Próximo desde hace 300.000 años hasta hace 30.000, fecha en la que desapareció del mapa.

Es importante apreciar la gran relevancia de esta cuestión. Según la teoría dominante, la recentísima especie *Homo sapiens* —usted y yo, lector— salió de África hace sólo 100.000 años (quizá sólo 50.000) y barrió del mapa a todas las especies de homínidos anteriores que poblaban Asia y Europa. Según este modelo, por ejemplo, los europeos modernos no tendrían ni un solo gen procedente del *Homo antecessor* de Atapuerca (hace 800.000 años), ni de los «preneandertales» de Atapuerca y otros enclaves europeos (hace entre 300.000 y 500.000 años) ni de los Neandertales que poblaron después toda Europa hasta que se extinguieron hace 30.000 años. Los europeos modernos, como todo el resto de la humanidad actual, serían los descendientes estrictos de una pequeña población de *Homo sapiens* que salió de África hace unos 100.000 años, o quizá menos aún, y colonizó el mundo sin mezclarse jamás con las especies preexistentes: *Homo erectus, Homo antecessor, Homo heidelbergensis, Homo neanderthalensis*, etcétera. Según el modelo multirregionalista, sin embargo, las sustituciones nunca fueron completas. Cada oleada salida de África copuló ocasionalmente, e intercambió genes, con todos esos pobladores eurasiáticos primitivos. Según este punto de vista, los actuales asiáticos llevan algunos genes de *Homo erectus* (es decir, copularon y evolucionaron en parte en Asia, y no sólo en África), y los actuales europeos llevan algunos genes del *Homo antecessor* y de los Neandertales (es decir, copularon y evolucionaron en parte en Europa y Oriente Próximo, y no sólo en África). Las observaciones de Arsuaga y sus colegas en Atapuerca se explicarían fácilmente, porque sería perfectamente posible que el *Homo antecessor* evolucionara en Europa hacia el «preneandertal» y luego hacia el Neandertal, en lugar de tener que suponer que cada una de esas *especies* salió de África plenamente formada y sustituyó por completo a la anterior.

Mientras yo escribía este capítulo, en marzo de 2002, el evolucionista molecular Alan Templeton, de la Universidad de Washington en Saint Louis (Missouri), publicó en *Nature* una interesantísima reevaluación estadística de todos los datos disponibles sobre comparaciones de ADN en los seres humanos actuales (TEMPLETON, 2002). Ésta es la misma técnica de la agencia de detectives Doctor Watson con la que ya nos hemos encontrado varias veces en capítulos anteriores: una metodología que trata de

reconstruir la historia evolutiva —de nuestra especie, en este caso— determinando el grado de parecido genético entre las poblaciones humanas actuales de todo el mundo. La teoría dominante, que sostiene que toda la humanidad actual proviene exclusivamente de la última oleada migratoria salida de África hace 100.000 años o menos, se basa sobre todo en unas comparaciones de ADN de este tipo publicadas a partir de 1987 por varios laboratorios. Pero las conclusiones de Templeton, centradas en unos métodos matemáticos e informáticos más avanzados, son muy distintas de las alcanzadas por sus colegas en los quince años anteriores, y debemos examinarlas con cierta atención.

El análisis de Templeton detecta con claridad la primera oleada migratoria de homínidos que salió de África hace 1,7 o 1,8 millones de años. Los paleontólogos ya conocían muy bien esa oleada: son los *Homo erectus,* los primeros homínidos que abandonaron el continente africano y se extendieron por Eurasia, propagando su tosca tecnología de la piedra tallada. Pero el hecho de que Templeton detecte esa migración *en las poblaciones humanas actuales* supone una revolución conceptual: no estamos hablando ahora de huesos fósiles (que puedan pertenecer a una especie extinta), sino de *genes fósiles* presentes en los humanos actuales, que por definición no están extintos. Se entenderá mejor enfocándolo así: los primeros homínidos que salieron de África hace 1,7 millones de años, los *Homo erectus,* no eran genéticamente idénticos (por supuesto), sino que tenían las variantes genéticas *a, b* y *c*. La última oleada salida de África hace 100.000 años, la de los *Homo sapiens,* tenía unas variantes genéticas distintas, *d, e y f.* Si la oleada de *Homo sapiens* hubiera sustituido por completo a la de *Homo erectus,* toda la variación genética de los seres humanos actuales sería *d, e* y *f* (más la que hubiera surgido posteriormente). Las variantes *a, b* y *c* se habrían extinguido junto con los *Homo erectus* que las portaban. Y no es así: la variantes *a, b* y *c* siguen presentes en los humanos actuales (por supuesto, también lo están las *d, e* y *f* de la última migración, pero *a, b* y *c* no han sido barridas). Luego la sustitución de un homínido por otro no fue completa: las dos migraciones africanas copularon y se intercambiaron genes.

Los algoritmos de Templeton detectan en total tres migraciones africanas (aunque no excluyen que pudiera haber más): la ya mencionada de hace 1,7 millones de años (correspondiente al *Homo erectus*); una segunda, de hace unos 700.000 u 800.000 años (a la que podría pertenecer el *Homo antecessor* de Atapuerca); y la bien conocida del *Homo sapiens,* de hace 100.000 años (que hasta ahora se pensaba que había dado origen a toda la humanidad actual), Lo más

importante es que la segunda migración africana no borró del mapa a la primera (es decir, las variantes genéticas de la primera siguen presentes en los humanos actuales), y que la tercera no borró a ninguna de las dos anteriores. Desde que *Homo erectus* salió de África con su tosca tecnología para tallar piedra hace 1,7 millones de años, ha habido un flujo genético constante (es decir, sexo) entre las poblaciones africanas, europeas y asiáticas. Por supuesto, ese flujo genético ha sido siempre más abundante entre las poblaciones cercanas que entre las lejanas, pero ha sido suficiente para que los *Homo erectus* de todo el mundo hayan pertenecido siempre a la misma especie: nuestra especie. Si Templeton está en lo cierto, *Homo antecessor, Homo heidelbergensis, Homo neanderthalensis* y *Homo sapiens* no son distintas especies de homínidos, sino meras variedades de *Homo erectus.* ¡Todos somos *Homo erectus* desde hace casi dos millones de años! Los análisis matemáticos de Templeton, de confirmarse, supondrían un cambio de paradigma en la disciplina de la evolución humana. Y también un espaldarazo a Darwin, como veremos más adelante, puesto que algunos de los acontecimientos más relevantes de nuestra historia evolutiva habrían ocurrido *en el seno de la misma especie,* y no por la sustitución radical de unas especies por otras.

Hay tres matizaciones importantes al nuevo esquema de Templeton que es preciso analizar brevemente. En primer lugar, acabamos de decir que siempre, desde hace 1,7 millones de años, ha habido cierto flujo genético entre África, Europa y Asia. Pero también es verdad que ha habido un par de oleadas migratorias discretas desde África. Esas oleadas no supusieron una interrupción del flujo genético recién mencionado, sino todo lo contrario: la mayoría del intercambio de genes entre los tres continentes ocurrió durante esas oleadas. Esto es lógico, si bien se mira, puesto que los grandes movimientos de población favorecen el sexo entre lugares distantes. O sea, que viajando se conoce gente, como ya sabíamos.

El segundo punto es el siguiente. Si Templeton está en lo cierto, todos somos una sola especie, *Homo erectus,* desde hace casi dos millones de años. Pero eso no quiere decir que la evolución humana haya procedido de manera continua y parsimoniosa. Las oleadas africanas de Templeton se correlacionan muy bien con ciertos *saltos* bien conocidos por los paleontólogos y arqueólogos de todo el mundo. La primera oleada de *Homo erectus,* de hace 1,7 millones de años, coincide con la propagación de la mencionada tecnología tosca del tallado de piedra. Hasta la siguiente oleada, que ocurrió hace unos 800.000 años, la tecnología y el tamaño del cerebro permanecieron estancados en todo el mundo. Y es precisamente la segunda oleada la

que parece propagar un aumento medio del tamaño del cerebro, y un nuevo tipo de tecnología del tallado de piedra llamada achelense, más refinada. La anatomía plenamente moderna no aparece hasta hace 130.000 años, como siempre en África. Y es la última migración, la de hace 100.000 años o menos, la que propaga esa anatomía moderna por Eurasia. Aunque hayan ocurrido en el seno de la misma especie, las discontinuidades siguen existiendo, tanto en la tecnología como en el tamaño del cerebro, y se han propagado desde África en oleadas discretas.

La tercera matización se puede exponer en una frase: la teoría dominante sigue siendo verdad en un 90%. La última oleada africana no reemplazó *totalmente* a las poblaciones de *Homo erectus* preexistentes, pero sí lo hizo en un 90%. Y esta renovación poblacional (al 90%) tuvo unas consecuencias culturales inmensas en el mundo, como veremos ahora mismo.

Tengamos muy presentes estos nuevos descubrimientos y prosigamos con la historia de nuestros orígenes. Las comparaciones de ADN también se han revelado en los últimos años como un valioso complemento a la paleontología y a la arqueología para reconstruir los detalles de las migraciones humanas *posteriores* a la última oleada africana. Comparando a miles de personas de todas las etnias y regiones del mundo, el creativo Departamento de Genética de la Universidad de Stanford, que cuenta en su plantilla con Luca Cavalli-Sforza, Ornella Semino y Peter Underhill, ha logrado reconstruir el fascinante relato de las migraciones de *Homo sapiens* que poblaron Europa en la prehistoria. La cosa ocurrió más o menos como sigue.

Al igual que las oleadas africanas anteriores, la gran migración de *Homo sapiens* salida de África hace 100.000 años (o menos) utilizó la ruta que hoy forman Egipto, el Canal de Suez y Oriente Próximo, y desde ahí, la mayoría de sus 10.000 miembros fundadores emprendieron camino hacia el este, desplazándose durante decenas o centenares de generaciones a lo largo del sur de Asia, alojándose en cuevas o campamentos, alimentándose de frutos silvestres y de cualquier animal que pudieran cazar. Algunos genetistas piensan que esto ocurrió hace unos 100.000 años, y otros (como los de Stanford) prefieren situarlo hace 50.000: el tiempo pulirá estas discrepancias, pero de momento haremos mejor en quedarnos con la segunda cifra. Algunos de aquellos viajeros se instalaron de modo estable junto a la actual frontera entre Pakistán y el norte de India, que ahora constituye el desierto de Thar, pero que hace 45.000 años disfrutaba aún de un clima húmedo óptimo para la caza. Unos pocos miles de años después, la zona empezó a secarse, y tal vez eso persuadió a una parte de sus

pobladores a emprender un incierto camino de regreso hacia el oeste. Hace 40.000 años, aquellos emigrantes indios llegaron a Europa para quedarse: la mitad de los europeos actuales son sus descendientes en línea directa, y están repartidos de forma bastante homogénea desde Escandinavia hasta Andalucía. Sus genes lo delatan. Y los mismos genes pueden encontrarse aún en algunos ciudadanos actuales de Pakistán y el norte de India. Fascinante.

Los recién llegados a Europa tuvieron ocasión de conocer a unas extrañas criaturas que debieron parecerles extraídas de una pesadilla: los Neandertales, que ya llevaban allí cientos de miles de años. Curiosas bestias aquéllas, en verdad. Desde luego, y pese a su aspecto tosco, no tenían nada que ver con los demás animales que habían visto desde que sus tatarabuelos habían salido de la India. ¡Si casi parecían humanos! Se comunicaban mediante algún tipo de gruñido grotesco, y vivían en pequeñas tribus, a menudo en las mismas cavernas que los recién llegados querían ocupar. Había que andarse con cuidado con ellos: serían todo lo tontos que uno quisiera, pero tenían mucha fuerza en los brazos y sabían hacer unas hachas de piedra toscas pero escasamente tranquilizadoras, y hasta disponían de lanzas de madera. Sin embargo, los muy brutos no parecían haberse enterado de que los huesos podían usarse para tallar unas herramientas mucho más finas. Qué torpes. Y qué paticortos. Y qué manera de comer. Ni frutos secos, ni raíces tuberosas ni ningún otro vegetal: venga carne. Dientes no les faltaban, desde luego. Casi siempre andaban cazando cervatillos y cabras de monte, y no dudaban en comerse la carroña que encontraban a su paso. También es verdad que dominaban el fuego, cuidaban a los miembros heridos de su tribu y, si esos cuidados no funcionaban demasiado bien, eran lo bastante respetuosos como para enterrarlos cuando morían. ¡Hasta llevaban pendientes! ¿Para qué se los pondrían, con esa cara de bestia que tenían? Qué tipos más extraños.

La llegada de los visitantes indios no tardó mucho en transformar Europa por completo. Los primitivos Neandertales, como acabamos de ver, conocían el fuego, manufacturaban herramientas de piedra, fabricaban lanzas de madera, enterraban a sus muertos y revelaban cierta organización tribal, pero su cultura —como la de los homínidos anteriores— había permanecido estancada durante cientos de miles de años, y era idéntica en todos los asentamientos que habían ocupado a lo largo de miles de kilómetros. La llegada de los *Homo sapiens* desde la India, hace unos 40.000 años, marca en Europa el inicio del llamado «Paleolítico superior», y supone un evidente salto cualitativo que trae consigo al continente los primeros signos inequívocos de la

creatividad humana actual.

Las primitivas hachas de mano desaparecen, y surge en su lugar una gran variedad de herramientas mucho más finas y versátiles, diseñadas adrede para cada tarea específica, y fabricadas por primera vez no sólo de piedra, sino también de hueso, cuerno o marfil. Todos estos dispositivos se preparaban con antelación, y se guardaban después de su uso, en lugar de fabricarse para una necesidad inmediata y descartarse una vez satisfecha ésta, como hasta entonces. Las entradas de las cuevas y los asentamientos al aire libre, que se hicieron mucho más estables, empezaron por vez primera a ser equipados con algunas comodidades, como un *hogar* permanente para hacer lumbre, suelos empedrados y porches hechos de piel montada sobre *vigas* de hueso o de madera. Las nuevas técnicas de caza permitieron ampliar la dieta más allá del ciervo y la cabra de monte, tan del gusto de los Neandertales, e incluir en ella caballos, renos, conejos, peces y mariscos. Los enterramientos se hicieron más cuidadosos y rituales, y la *bisutería* mucho más diversa y elaborada. Lo más importante es que todos estos objetos tecnológicos y culturales variaban de un lugar a otro, y también cambiaban a lo largo del tiempo: los visitantes de la India no se limitaban a plagiar las recetas aprendidas de sus padres, sino que las innovaban activa y sistemáticamente.

Pese a la espectacularidad de todo lo anterior, no hay mejor prueba del salto cualitativo que supuso la llegada del *Homo sapiens* que el origen del arte. Con los visitantes de la India no sólo llegó la tecnología en el sentido moderno, sino también las bellísimas y asombrosas pinturas rupestres de mamuts, caballos y bisontes, que decenas de miles de años después culminarían en dos de las cimas absolutas del arte de todos los tiempos: Lascaux y Altamira. No conozco mejor evidencia de que el cerebro humano era ya entonces el mismo prodigio biológico que es ahora. Los grandes progresos y las aún mayores lacras de nuestra civilización actual no son producto de la evolución biológica, sino de la acumulación de cultura. Lascaux y Altamira demuestran que, si los primeros *Homo sapiens* hubieran dispuesto de cámaras de cine (y de una buena chequera), es seguro que hubiera surgido un Alfred Hitchcock entre ellos.

Antes de seguir, me apresuro a aclarar que nada de lo anterior es una peculiaridad europea. Lo peculiar de Europa es que su territorio ha sido rastreado y excavado exhaustivamente durante un siglo y medio, y por eso nos ofrece un escaparate arqueológico mucho más profuso y preciso que otras zonas. Por poner un ejemplo, todas estas innovaciones culturales y tecnológicas se dieron simultáneamente en

Pakistán y el norte de la india, de donde procedían los primeros *Homo sapiens* europeos. Allí también se han encontrado herramientas avanzadas y pinturas rupestres correspondientes al mismo periodo, el Paleolítico superior. Es lo esperable. Y también sería esperable que las mismas innovaciones se encontraran con profusión en África, y que correspondieran a periodos aún más antiguos, puesto que los humanos anatómicamente modernos ya estaban allí antes de salir hacia Asia y Europa. Encontrarlas debería ser sólo cuestión de buscarlas bien, pero los países africanos —ay— tienen prioridades mucho más urgentes por el momento.

Hemos dicho que la mitad de los europeos actuales descienden directamente de la primera oleada de *Homo sapiens,* llegada hace 40.000 años desde la India. ¿Y el resto? Pues el resto procede en su mayor parte de otras dos oleadas, ambas procedentes de Oriente Próximo. La primera llegó hace unos 20.000 años, y probablemente trajo una cultura que los arqueólogos conocen como Gravetiense, caracterizada por las célebres *Venus* prehistóricas, unas figuritas de abultados atributos que eran comunes en el sur de Asia, y que desde entonces también lo fueron en Europa. El 30% de los europeos actuales desciende de esta segunda oleada paleolítica. Es posible que estos visitantes de Oriente Próximo trajeran a Europa más innovaciones, porque las excavaciones datadas en esa época son las primeras en revelar la técnica de calentar el pedernal para fracturarlo mejor, y también notables invenciones como el arpón y la aguja de coser. Es obvio, sin embargo, que estas innovaciones son culturales, no biológicas.

Y el 20% restante de los europeos actuales desciende de una última oleada que empezó a entrar hace 10.000 años desde Oriente Próximo y se fue extendiendo hacia el oeste, sobre todo a lo largo del Mediterráneo: ésos fueron los pueblos neolíticos que trajeron la agricultura y, a su rebufo, las primeras ciudades. Fueron, en efecto, los pobladores de Oriente Próximo quienes inventaron la agricultura hace más de 10.000 años, al conseguir domesticar, a partir de plantas silvestres de la zona, las principales variedades de cultivo, como el trigo, la cebada, el guisante y el lino. La economía agrícola permitió que allí surgieran las primeras ciudades, y ese estilo de vida se fue extendiendo junto con sus creadores hacia el oeste. La agricultura llegó a Grecia hace 9.000 años, a Italia hace 8.000, y a España hace 6.000. Al mismo tiempo fue desplazándose hacia el norte, y alcanzó la zona septentrional de Escandinavia hace unos 5.000 años. La propagación de la economía agrícola fue en parte un caso de transmisión cultural, por supuesto, pero los habitantes de Oriente

Próximo también se desplazaron físicamente a lo largo del Mediterráneo. Al pasar fueron dejando allí sus genes, y ahí siguen, formando un convincente gradiente de este a oeste. Los pueblos actuales del Mediterráneo y Oriente Próximo son genéticamente muy parecidos entre sí, debido sobre todo a las migraciones neolíticas que propagaron la economía agrícola y la civilización por Europa.



FIGURA 13.3 La actual población europea proviene casi totalmente de tres migraciones llegadas desde Asia.

En resumen, los humanos y los chimpancés eran la misma cosa hasta hace seis millones de años: un mono africano no muy distinto del chimpancé actual. Hace seis millones de años, se separaron en dos ramas distintas. Durante los siguientes cuatro millones de años, la rama prehumana (los homínidos) se ramificó en África en varias especies bípedas de *Australopithecus,* según un esquema compatible con el equilibrio puntuado: especies estables, cambios restringidos a los infrecuentes sucesos de especiación. Hace algo más de dos millones de años surge el género *Homo,* con un cerebro incrementado en tamaño que le permitió fabricar las primeras herramientas toscas de piedra. Uno de los primeros representantes de este género, el *Homo erectus,* sale de África y coloniza Eurasia hace 1,7 millones de años. Según los modelos matemáticos de Templeton, ahí se acaba la era del equilibrio puntuado estricto, y el resto de la evolución humana ocurre en el seno de la misma especie. Aun así, esa presunta especie única experimentó al menos dos saltos (a la vez biológicos y culturales) asociados a otras tantas oleadas africanas. Uno de ellos, ocurrido también en África hace 800.000 años, incrementó de nuevo el tamaño cerebral y permitió una nueva tecnología del tallado de piedra llamada achelense, que se propagó de nuevo desde África por todo el mundo. Y el otro salto ocurrió, también en África, hace tan sólo 130.000 años, y generó la anatomía humana plenamente moderna. La salida de África de estos humanos modernos, hace entre 100.000 y 50.000 años, coincide con el final del estancamiento cultural del *Homo erectus* y sus primos, y con el florecimiento brusco de la creatividad humana, un *invento* evolutivo que conformó lo que hoy en día seguimos reconociendo como la marca de fábrica de la humanidad actual. Nuestro árbol genealógico nos cuenta una historia de progresiva encefalización, pero no la dibuja como un continuo parsimonioso: durante un tiempo hubo saltos aparentemente asociados a la especiación, y después hubo saltos aparentemente no asociados a la especiación. Pero, con especiación o sin ella, la evolución humana parece haber ocurrido a saltos, en gran medida. Y todo indica que, desde la última oleada africana, la especie humana permanece biológicamente estable. Los *Homo sapiens* que llegaron a Europa hace 40.000 años debieron parecerles superhombres a los Neandertales, pero desde entonces no ha habido nuevas sorpresas de ese tipo, salvo en la mente de los fanáticos.

Esto es lo que nos dicen los cráneos fósiles de los últimos cuatro millones de años. ¿Tenemos alguna esperanza de llegar a comprender

lo que ocurrió dentro de ellos? Ciertamente sí, pero para ello debemos sumergirnos primero en los fascinantes enigmas de nuestro propio cerebro, el objeto más complejo del que tenemos noticia.

14

Tómeselo con filología

En 1978, los neuropsiquiatras E. Bisiach y C. Luzzatti pidieron a dos pacientes de Milán con graves lesiones cerebrales que imaginaran estar sentados en un extremo concreto de la Piazza del Duomo, un paisaje urbano que cualquier milanés sería capaz de reconstruir de memoria con bastante detalle, y que describieran lo que *veían* con su imaginación desde esa posición. Los dos pacientes hicieron una descripción muy correcta de los edificios y estatuas de la Piazza del Duomo, pero sólo *de los que estaban en la mitad derecha de la plaza* según su imaginario punto de vista. Y ninguno de los dos dijo «Maldita sea, no puedo recordar la otra mitad del paisaje», sino que ambos se mostraron convencidos de que habían logrado una reconstrucción completa de aquella plaza que conocían tan bien, que habían conocido tan bien mucho antes de sufrir el daño cerebral. ¿Es que la lesión les había borrado el recuerdo de la mitad izquierda de la Piazza del Duomo? No. Bisiach y Luzzatti les pidieron a continuación que se imaginaran sentados en el extremo opuesto de la plaza y que describieran lo que *veían* desde este nuevo ángulo. Y entonces, los dos pacientes describieron a la perfección todos los edificios y estatuas que antes parecían haberse borrado de su recuerdo: los que *ahora* estaban en la mitad derecha de la plaza. Nuevamente, los dos pacientes se manifestaron convencidos de que su descripción era razonablemente completa. (BISIACH y LUZZATTI, 1978.)

Numerosos daños cerebrales causan alteraciones asombrosas de la consciencia que nos revelan lo erróneas que pueden llegar a ser nuestras intuiciones sobre el funcionamiento del cerebro. Si alguien nos pide describir de memoria la Piazza del Duomo —cada lector puede elegir su equivalente local— desde cierto ángulo, todos creemos hacerlo a partir de una especie de fotografía archivada en nuestra memoria, y también creemos que, para cumplir con la tarea exigida, no tenemos más que consultar esa fotografía interior e ir describiendo

lo que *vemos* dentro de ella. Pero el cerebro no funciona así. La retina y las áreas cerebrales más primarias *sí* funcionan así, pero las señales que éstas mandan *hacia arriba,* hacia las redes neuronales de rango superior, no se procesan como fotografías, sino como informaciones cada vez más abstractas y formalizadas.

En las áreas visuales primarias de la corteza cerebral, situadas un poco por encima de la nuca, una neurona típica responde a las cualidades más rastreras del trozo de mundo que le corresponde: si esa pequeña zona del campo visual está iluminada, la neurona se activa; si está oscura, la neurona no se activa. Pero si acompañamos a la señal originada en esa neurona en su camino ascendente desde la nuca hacia la coronilla, las neuronas individuales van respondiendo cada vez a cualidades más abstractas del paisaje externo. Una neurona responde cuando el mosaico de puntos de luz y sombra *fotografiado* por la corteza visual primaria revela una frontera vertical entre la luz y la sombra. Otra responde cuando esa frontera está inclinada, otra cuando es horizontal, etcétera. Más arriba aún, una neurona responde cuando las fronteras recién mencionadas se combinan para formar un rectángulo, no importa de qué tamaño ni en qué orientación, pero no responde si la figura es un triángulo. Otra neurona responde si la figura es un triángulo, pero no si es un círculo, etcétera. En los niveles superiores de esta escala de abstracción progresiva aparece nuestra percepción consciente —o nuestro recuerdo consciente, que tanto da— de la Piazza del Duomo, pero esa *escena* ya no tiene nada que ver con una fotografía: consiste más bien en una descripción abstracta, novelesca y contextualizada de la plaza, con aquel edificio rojo tan bonito que le gustaba tanto a mi prima, a la derecha, y aquella estatua corroída por los excrementos de paloma, qué gran lacra para la ciudad y el alcalde sin dimitir, a la izquierda. Esta escena puede parecemos una fotografía, pero no lo es: es un estado de consciencia, la sustancia de la que están hechas nuestras experiencias y nuestros recuerdos, y que tan magníficamente capturó James Joyce con su técnica literaria del *monólogo interior.*

Los dos pacientes de Bisiach y Luzzatti —y muchas otras personas con diversas clases de daños cerebrales— revelan que cada estado de consciencia es una unidad indivisible. Debido a su gravísima lesión cerebral, estos dos pacientes (y muchos otros que padecen la llamada *negligencia unilateral*) son incapaces de procesar la información correspondiente a la mitad izquierda de su campo visual. No es que no la vean —su retina y sus áreas visuales primarias funcionan perfectamente—, sino que las áreas superiores de su corteza cerebral son incapaces de integrar esa información en su consciencia. Y, como

la consciencia está hecha de *estados de consciencia* unitarios e indivisibles, ellos creen que su coja descripción de la Piazza del Duomo está completa: su consciencia no puede aceptar que hay un agujero en la escena, y por lo tanto ha *cosido* juntos los dos bordes del agujero para generar una nueva escena coherente, un nuevo estado de consciencia unitario, construido con la mitad de la Piazza del Duomo que le es accesible desde ese ángulo de la memoria. Si les pedimos que recuerden la plaza desde el ángulo opuesto, harán lo mismo con la otra mitad.

Veamos otra chocante evidencia de que nuestra consciencia está hecha de escenas o *estados de consciencia* unitarios e indivisibles. En la primera mitad del siglo XX se puso de moda tratar los casos graves de epilepsia mediante una intervención quirúrgica drástica aunque útil en ocasiones: aislar los dos hemisferios cerebrales seccionando de un tajo el haz de nervios que comunica uno con otro, llamado cuerpo calloso. Sorprendentemente, los pacientes intervenidos de esta forma parecían normales a todos los efectos. Pero una cuidadosa exploración psicológica puede revelar que su consciencia ha experimentado una alteración crucial. J. D. Holtzman y M. S. Gazzaniga analizaron en 1985 a varias personas que habían sido sometidas a esa operación. Les mostraron simultáneamente dos problemas visuales que debían resolver: un problema a su ojo izquierdo, y otro problema distinto a su ojo derecho. En estas condiciones muy artificiales, cada hemisferio cerebral sólo percibe uno de los problemas. Lo increíble es que los pacientes no tuvieron dificultad en resolver ambos ejercicios *a la vez.* Algo que no podría hacer ninguna persona normal. En una persona con los dos hemisferios conectados por el cuerpo calloso, la consciencia es única y no puede enfrentarse a dos problemas visuales simultáneos. Pero en los pacientes con el cuerpo calloso seccionado, cada hemisferio *forma una serie de estados de consciencia independientes.* Normalmente esto no se nota, porque el paciente vive esencialmente la misma experiencia con los dos ojos, y por lo tanto procesa esencialmente la misma experiencia con los dos hemisferios cerebrales. Pero basta un sencillo experimento como el mencionado para revelar que el paciente es en realidad la suma de dos consciencias desacopladas. El neurocientífico que más a fondo estudió a este tipo de pacientes durante décadas, Roger Sperry, concluyó en 1966:

> La cirugía ha dejado a estas personas con dos mentes separadas, es decir, con dos esferas de consciencia separadas. Lo experimentado por el hemisferio derecho parece estar totalmente fuera del dominio consciente del hemisferio

> izquierdo. Esta división mental ha sido demostrada para la percepción, la cognición, la voluntad, el aprendizaje y la memoria. El hemisferio izquierdo, que es el dominante o principal, posee la capacidad del lenguaje, y normalmente se muestra hablador y disfruta de la conversación. El hemisferio derecho, sin embargo, es callado o raudo, y sólo es capaz de expresarse a través de reacciones no verbales. (SPERRY, 1966.)

Es cierto que, debido a que los dos hemisferios cerebrales muestran cierto grado de especialización (el lenguaje, por ejemplo, es sobre todo responsabilidad del hemisferio izquierdo), las dos esferas de consciencia a las que se refiere Sperry tienen unas capacidades mentales bastante distintas. Por ejemplo, el hemisferio derecho no sabe hablar, y el izquierdo sí. Pero estas complicaciones no deben ocultarnos el extraordinario hecho central: que la sección del cuerpo calloso convierte a una persona en dos. Los neurocientíficos Gerald Edelman y Giulio Tononi nos piden invertir mentalmente estas evidencias para que podamos apreciarlas en todo su valor teórico: un paciente con el cuerpo calloso seccionado consiste en dos consciencias independientes, y basta unir esas dos *mentes* con un haz de nervios para convertirlas en una consciencia única e indivisible. Si la tecnología futura permite algún día conectar mediante un haz de nervios a dos ciudadanos (a Edelman y Tononi, a Watson y Crick, o a Lennon y McCartney), el resultado será un ciudadano único, dotado de una consciencia unitaria e indivisible. Apurando el chiste, podríamos llamarle *Ramón y Cajal*. Puede parecer *Star Trek,* pero es lo que predice la neurobiología contemporánea.

Pero ¿qué es la consciencia? La teoría más coherente de la que disponemos es, creo, la desarrollada por los mencionados Edelman y Tononi. La resumo a continuación. Todo el mundo sabe que la corteza cerebral está dividida en áreas especializadas: visuales, auditivas, olfativas, somatosensoriales (las que perciben y procesan el tacto), asociativas, otras implicadas en la toma de decisiones, otras relacionadas con las operaciones aritméticas, etcétera. Las actuales técnicas de imagen, que permiten visualizar qué zonas del cerebro se activan cuando se le pide a un voluntario que ejecute una u otra tarea mental, revelan cada mes una nueva área especializada. Por poner un ejemplo extremo, hace unos años se identificó una zona cortical que parecía estar implicada específicamente… ¡en el reconocimiento de las disonancias musicales! La corteza cerebral está compuesta por cientos de zonas especializadas de este tipo, aunque nadie sabe en qué se basan esas especializaciones en términos de redes neuronales.

Cada una de esas zonas especializadas de la corteza cerebral es responsable de un aspecto de la consciencia, tal y como sugieren innumerables estudios sobre lesiones de una u otra área cerebral. Por ejemplo, las lesiones en una zona de la corteza llamada giro fusiforme eliminan la consciencia del color: la retina y las áreas visuales primarias funcionan y *ven* los colores perfectamente, pero esa percepción no es capaz de integrarse en la consciencia, y la experiencia del paciente es enteramente en blanco y negro. De hecho, no sólo su experiencia en tiempo presente es en blanco y negro, sino también sus recuerdos, sus imaginaciones y sus sueños. Cuando una persona normal ve el mundo que le rodea, su experiencia consciente del color rojo —en la luz de este semáforo y en el pañuelo de aquel escaparate— se basa en la actividad de ciertos grupos neuronales del giro fusiforme. Y cuando esa persona recuerda, imagina o sueña una escena, los colores rojos que aparecen en su imaginación se basan en la actividad de *los mismos* grupos neuronales del giro fusiforme. La *rojez* —o, mejor, la *colorez*— es un *quantum* de la conciencia, y ese *quantum* puede formar parte de cualquier experiencia consciente (visión, recuerdo, imaginación) que incluya el color como unos de sus elementos. Ninguna lesión de un área concreta del cerebro elimina la consciencia en su conjunto. Pero muchísimas lesiones de una u otra zona de la corteza cerebral eliminan uno u otro *quantum* de la consciencia: la consciencia del color, la del movimiento de los objetos, la de la forma de los objetos, la mitad derecha del campo visual (incluido el *campo visual* recordado o imaginado) y así hasta cientos de *quanta.*

Sin embargo, cuando somos conscientes de una escena —cuando la vemos, la recordamos o la imaginamos—, no somos conscientes de cada uno de sus elementos componentes, o *quanta,* separadamente. Cada escena aparece en nuestra mente integrada como un todo: cada escena es un *estado de consciencia* unitario e indivisible. No sólo los distintos componentes visuales de la consciencia (color, forma, movimiento) aparecen integrados en nuestra mente como *propiedades* de los objetos, físicos o imaginarios, sino que también forman un todo con los componentes relativos a otros sentidos —¿no es *obvio* que ese ruido de motor procede de aquel coche rojo que viene hacia aquí?— y a los recuerdos y conocimientos sobre el pasado —la última vez que un coche vino hacia aquí, la experiencia acabó siendo bastante dolorosa—, entre otras varias cosas.

Edelman y Tononi creen que la consciencia humana se basa en la gran capacidad de las distintas regiones especializadas de nuestra corteza cerebral para establecer rápidamente (en 150 milisegundos,

para ser exactos) una red de interacciones mutuas y simultáneas. La consciencia no es por lo tanto un flujo continuo, aunque nos dé esa impresión, sino una sucesión de paquetes discretos, de *escenas* unitarias e indivisibles. Cada escena dura unos 150 milisegundos, que es el tiempo que le lleva a la corteza cerebral integrar los distintos *quanta* de la conciencia en un todo coherente. Nuestra vida consciente consiste, por así decir, en una película pasada más o menos a seis fotogramas por segundo. Sólo que «fotograma» no es una buena metáfora, porque cada «fotograma» de la consciencia incluye *quanta* relativos al movimiento de los objetos, y por lo tanto no es estático. Una película pasada a seis *escenas* por segundo sería una metáfora más ajustada.

La duración de una escena, 150 milisegundos, puede parecer un lapso fugaz, pero es una eternidad en comparación con la velocidad de transmisión de los impulsos nerviosos. La duración de 150 milisegundos es suficientemente rápida para las necesidades de la vida cotidiana, pero es fácil ver en condiciones experimentales que impone un límite temporal muy estricto para las actividades conscientes. Si le pedimos a un voluntario que apriete un botón en cuanto vea aparecer una luz en una pantalla, lo hará mucho antes de que hayan pasado 150 milisegundos. Pero si lo que le pedimos es que apriete el botón cuando aparezca en la pantalla una cara conocida, o una situación que suponga peligro —y que no lo apriete cuando aparezca una cara desconocida, o una situación que no suponga ningún peligro—, el voluntario necesitará formar una *escena* consciente antes de apretar el botón, y no podrá hacerlo en menos de 150 milisegundos. Nadie puede tomar más de una decisión cada 150 milisegundos.

Ésta es, por cierto, una de las razones de que podamos ver cine (me refiero ahora al cine de verdad). Si la película pasara a seis fotogramas por segundo o más lento, seríamos conscientes de cada fotograma, y desaparecería la ilusión de realidad que sentimos en la sala de proyección (algo de esto ocurre en las actuales videoconferencias por Internet). Como la película pasa a 24 fotogramas por segundo, cuatro veces más deprisa que nuestra *película* interior, la ilusión de continuidad es perfecta. Si alguien inserta en el celuloide de *Psicosis* un fotograma de «Beba Coca Cola», nuestra retina y nuestras áreas visuales primarias *ven* el anuncio, pero nuestra consciencia no. Éste es el fundamento de la clase más sencilla de publicidad subliminal, actualmente prohibida. Hitchcock, por cierto, jugueteó continuamente con este efecto en *Psicosis.* Si es usted uno de los espectadores que se ha creído la versión oficial sobre el célebre asesinato en la ducha de esta película —que todas las puñaladas están

narradas implícitamente—, preste más atención la próxima vez que pase el vídeo.

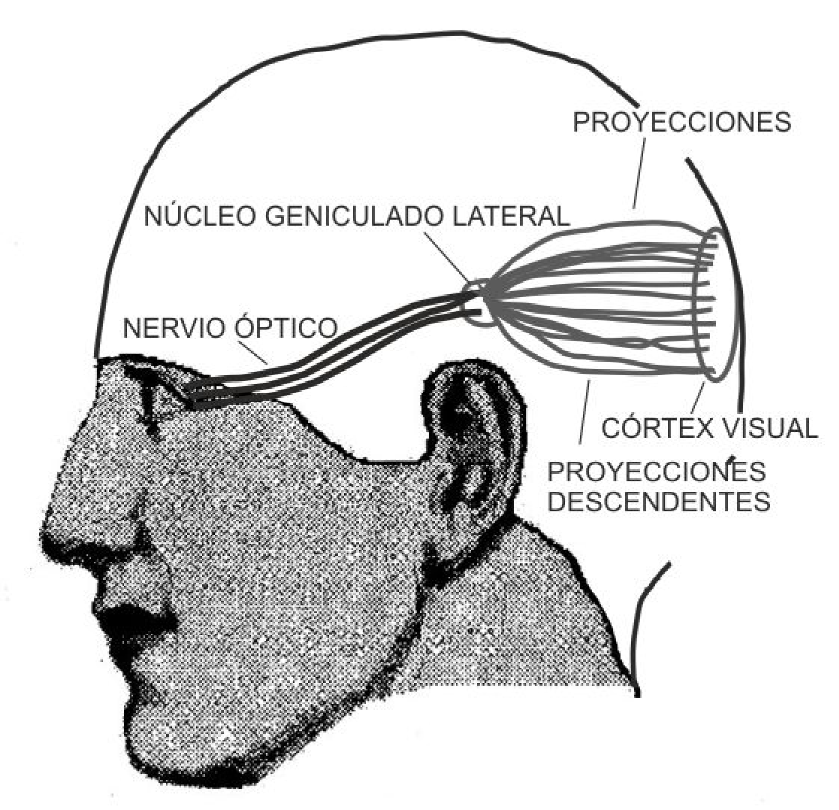


FIGURA 14.1: Ver es mucho más complicado de lo que parece a simple vista.

¿Por qué funcionan la publicidad subliminal y otros trucos similares como los utilizados por Hitchcock? Porque, aunque el fotograma de Coca Cola no alcanza nuestra consciencia, sí alcanza nuestra retina y nuestras áreas visuales primarias, y estas zonas de la corteza están conectadas con los dispositivos cerebrales que disparan el deseo o la ansiedad, y lo están *directamente,* sin que medie la formación de una escena consciente. De modo similar, los olores pueden afectar a nuestro deseo sexual sin que seamos conscientes de ello. Una forma más general de mirar a este fenómeno es la siguiente: la realidad que nos rodea es un continuo, y como tal lo perciben la retina (y los demás sentidos) y las áreas sensoriales primarias del córtex. Es decir, que un objeto que aparezca ante nosotros sólo durante veinte milisegundos logra excitar a las neuronas adecuadas del córtex visual primario. Pero cuando esta área cerebral está intentando conectarse con el resto del córtex para integrar toda la información disponible sobre el objeto (su forma, su movimiento, su

color, el ruido que hace, si es parecido a algún otro objeto archivado en la memoria), el objeto real desaparece, y no da tiempo de establecer todas esas conexiones paralelas que acabarían constituyendo una escena consciente. Recordemos que integrar toda esa información, procedente de los distintos *especialistas* del córtex, requiere 150 milisegundos, y el objeto sólo ha aparecido durante 20 milisegundos en nuestro campo visual. En palabras de Edelman y Tononi:

> Las pautas de actividad neuronal en la retina y otras estructuras visuales primarias están en constante flujo, y se corresponden con bastante fidelidad con los detalles espaciales y temporales del *input* visual rápidamente cambiante. Sin embargo, una escena visual consciente es considerablemente más estable, y trata con propiedades de los objetos que son invariantes bajo cualquier posición o iluminación: propiedades que son fácilmente reconocidas y manipuladas. (EDELMAN y TONONI, 2000.)

¿Qué es un «concepto», según esta teoría de la consciencia? Las conexiones entre los *especialistas* del córtex se refuerzan cuando sus distintos componentes tienden a darse juntos en la experiencia, en el recuerdo o en la imaginación. Por ejemplo, la imagen de un violinista, el brillo de la madera del instrumento, el sonido del violín, la calma de no tener nada que hacer, el vértigo de la disonancia, el recuerdo de otra sonata oída años atrás y «oh cielos cuánto echo de menos aquellas mañanas en el conservatorio» son percepciones de los *especialistas* del córtex que tienden a ocurrir juntas en la experiencia de, digamos, Luis Fernando. Esa ocurrencia simultánea refuerza las conexiones entre los grupos neuronales que encarnan esas percepciones. Minutos, meses o años después, la activación de uno cualquiera de esos grupos neuronales (provocada, por ejemplo, por el brillo de la madera de un violín visto en un escaparate) *tira* de toda la ristra (gracias a aquellos refuerzos), y la red reaparece completa, como un concepto. Luis Fernando puede llamar a esa ristra que tiende a aparecer completa en su cerebro «nostalgia», «música clásica número dos», «naturaleza muerta con violín», «las mañanas de Paul Hindemith», o no llamarle nada, pero la ristra *es* un concepto en su cabeza, a todos los efectos. Un concepto no es más que un conjunto de elementos de la consciencia cuyas interconexiones están reforzadas porque que tienden a aparecer juntos en la experiencia, en la memoria o en la imaginación. Vimos antes que las áreas visuales del córtex se van

ocupando de cuestiones cada vez más abstractas a medida que ascendemos desde la nuca hacia la coronilla. La formación de conceptos combina elementos aún más abstractos que los de la coronilla, y tiene lugar aún más adelante: en el córtex frontal y temporal, que es la parte del cerebro alojada detrás de la frente y entre las sienes: la parte del cerebro que más ha crecido durante la evolución de los homínidos.

Si la formación de una escena consciente depende de la interacción rápida (150 milisegundos) entre las percepciones de los distintos *especialistas* del córtex, todas estas áreas deben estar conectadas entre sí directamente, y así es, en efecto. Cada *especialista* del córtex no sólo se comunica con los que tiene al lado, sino también con todos los demás, por muy alejados que estén en el cerebro. La interacción de un *especialista* con otro que está 30 *especialistas* más allá no debe hacer escala en esas 30 estaciones intermedias, sino que se basa en conexiones largas que unen directamente a los dos *especialistas* más alejados. Por poner un ejemplo extremo, gran parte de las fibras del cuerpo calloso son axones que conectan directamente a los *especialistas* de un hemisferio cerebral con los del otro. Esta conectividad de *todos contra todos* es lo que permite que cientos o miles de interacciones paralelas generen una escena consciente unitaria antes de que sea demasiado tarde (y el león nos haya comido ya la mitad de la cabeza, con todas las percepciones del hemisferio izquierdo incluidas, por ejemplo).

Ahora que tenemos una teoría de la consciencia, por incompleta que sea, volvamos a nuestra pregunta original: ¿Qué pasó dentro del cráneo durante la evolución de los homínidos? Empecemos por ver cuál era la situación de partida. Muchos científicos contemporáneos consideran muy probable que los mamíferos posean una forma primaria de consciencia. Es muy difícil sostener que un felino, por ejemplo, sea un animal enteramente inconsciente. Cuando una gacela está huyendo y haciendo regates a cien kilómetros por hora, predecir dónde va a estar en el segundo siguiente y organizar un salto complejo para atraparla en pleno movimiento requiere, con toda probabilidad, integrar una enorme cantidad de percepciones especializadas en una serie de escenas unitarias e indivisibles: es decir, que nuestro felino tiene consciencia, aunque sea de un tipo primario (y no pueda por tanto generar conceptos tan elevados como «naturaleza muerta con violín», que por otro lado no le sirven para maldita de Dios la cosa). Otros animales más simples, con comportamientos mucho más rígidos y mecánicos, quizá no tengan ninguna clase de consciencia en absoluto. Pero la generación progresiva de consciencia durante la

evolución de un linaje animal puede tener un indudable sentido adaptativo, óptimo para intentar explicar el problema mediante la selección natural darwiniana. Así lo cree, por ejemplo, el propio Edelman, que es un darwinista ortodoxo en más de un sentido:

> Un animal que no posea ese sistema [un sistema que le permita generar una escena consciente unitaria en 150 milisegundos] podría aún responder a estímulos particulares, y hasta sobrevivir en ciertos entornos. Pero no podría asociar acontecimientos o señales para formar una escena compleja: no podría construir relaciones *basadas en su historia individual e irrepetible* [énfasis del autor]. No podría imaginar escenas, y por tanto sería incapaz de escapar de ciertos peligros complejos. La emergencia de esa capacidad es lo que conduce a la consciencia, y explica por qué la consciencia supone una ventaja selectiva en la evolución. (EDELMAN y TONONI, 2000.)

La consciencia primaria, por tanto, puede surgir gradualmente por selección natural a partir de animales de comportamiento rígido y mecánico. Este acontecimiento evolutivo no necesitaría una invención neurológica muy radical: bastaría con que la selección natural favoreciera durante millones de años el aumento, todo lo gradual que se quiera, del número de conexiones que intercambian los *especialistas* del córtex. Y, de hecho, este alto número de conexiones paralelas, que en la jerga anatómica se llaman «conexiones de reentrada», y consisten en verdaderas masas de axones y dendritas situadas en la parte más superficial del córtex, es la principal diferencia estructural entre los cerebros de los mamíferos y los de otros vertebrados de comportamiento más rígido. Podemos conceder sin vacilaciones que los primates de hace seis millones de años, y por supuesto el *Australopithecus* y los demás homínidos fósiles, poseían al menos ese grado de consciencia primaria. Es un buen punto de partida. ¿Cómo se va desde ahí hasta nuestra consciencia humana plenamente formada? Así lo ve Edelman:

> […] La consciencia primaria —la capacidad de generar una escena mental en la que una gran cantidad de información diversa se integra con el objetivo de organizar el comportamiento presente e inmediato— se da en animales con estructuras cerebrales similares a las nuestras. Esos animales parecen capaces de construir una escena mental, pero, a diferencia de nosotros, tienen unas capacidades semánticas o

> simbólicas muy limitadas, y carecen de verdadero lenguaje. (EDELMAN y TONONI, 2000.)

Pues ahí lo tenemos. Según el punto de vista de Edelman, la evolución del cerebro humano quedaría explicada por la aparición del lenguaje y de las «capacidades semánticas o simbólicas». Es decir, del lenguaje en sentido amplio, que incluye un léxico (capacidad semántica) y una sintaxis (un sistema formal para manipular símbolos). La consciencia primaria del chimpancé unida al lenguaje constituye «un proceso físico unificado de inmensa complejidad; un proceso que, a diferencia de cualquier cosa que los humanos hayamos construido hasta ahora, puede integrar rápidamente inmensas cantidades de información», según Edelman y Tononi. La ventaja selectiva de disponer de una arquitectura cortical semejante parece bastante obvia, y esto es un excelente caldo de cultivo para los esquemas conceptuales del darwinismo.

Daniel Dennett, que además de un darwinista ortodoxo es uno de los filósofos que más brillante y exhaustivamente han reflexionado sobre el cerebro humano, ha alcanzado independientemente una conclusión muy similar:

> Hay una enorme diferencia entre nuestras mentes y las mentes de otras especies, un abismo tan amplio que casi constituye una diferencia moral. Ello es —debe ser— debido a dos factores interconectados, cada uno de los cuales requiere una explicación darwinista: (1) el cerebro con el que nacemos tiene características que faltan en otros cerebros, y que han evolucionado bajo presión selectiva durante los últimos seis millones de años o así, y (2) esas características hacen posible una enorme elaboración de poderes, que derivan de compartir el acervo de diseños [ideas útiles] a través de la transmisión cultural. El fenómeno *bisagra* que une esos dos factores es el lenguaje.

Dennett nos confirma así que, si partimos de los ya complejísimos cerebros de los demás primates, el problema de la evolución del cerebro humano puede reducirse al de la evolución del lenguaje. Pero también admite que ese paso evolutivo, por mucho que se pueda expresar en una sola palabra —«palabra»— es demasiado grande para que cerremos la puerta del despacho y nos vayamos a tomar unas cañas con la *consciencia* tranquila. El lenguaje es nuestro nuevo Urbilateria: una solución biológica única, compleja, ocurrida una sola

vez en la historia del planeta, y cuya evolución no ha dejado evidencias claras de una transición gradual. Necesitamos explicar cómo evolucionó.

Es increíble que hayamos llegado hasta aquí sin mencionar ni una vez a Noam Chomsky. Vamos a ello.

15

El doctor Chomsky y el efecto Baldwin

La más interesante y perdurable de las guerras académicas sobre la evolución de la mente humana no proviene de donde parece que debería provenir: de la filosofía moral, de la lógica formal, de la epistemología, de la teoría del arte, de la psicología experimental, de la biología evolutiva, de la neuropsicología, de la antropología. La guerra, por extraño que parezca, proviene de la muy vetusta y fosilizada disciplina de la gramática, y muy particularmente de su componente más formal, la sintaxis. Fue declarada en solitario por uno de los grandes pensadores creativos del siglo XX, el lingüista norteamericano Avram Noam Chomsky, del Instituto Tecnológico de Massachusetts (MIT), en Boston. En 1957, a la edad de 29 años, Chomsky revolucionó el campo de la lingüística teórica con el libro *Estructuras sintácticas*, basado en la tesis doctoral que había defendido dos años antes en la Universidad de Pensilvania, y en el que dinamitó los fundamentos de la lingüística estructural hegemónica en la época —y, de paso, los de la igualmente hegemónica psicología conductista— al presentar un extraordinario argumento gramático contra los presupuestos centrales de estas disciplinas, que sostenían que el lenguaje, como cualquier otra alta función de la inteligencia humana, se desarrollaba en el niño como un simple hábito asociativo mediante la experiencia y el aprendizaje. Según Chomsky, los humanos tenemos un dispositivo cerebral innato y especializado que nos permite aprender a hablar de forma casi automática e inevitable, sin más que oír unas cuantas frases sueltas, inconexas e incompletas en nuestro entorno familiar inmediato. ¿Cómo pudo llegar Chomsky a semejante conclusión sin haber abierto un cráneo en su vida? Bueno, digamos que Chomsky encontró una forma teórica de abrir el cráneo.

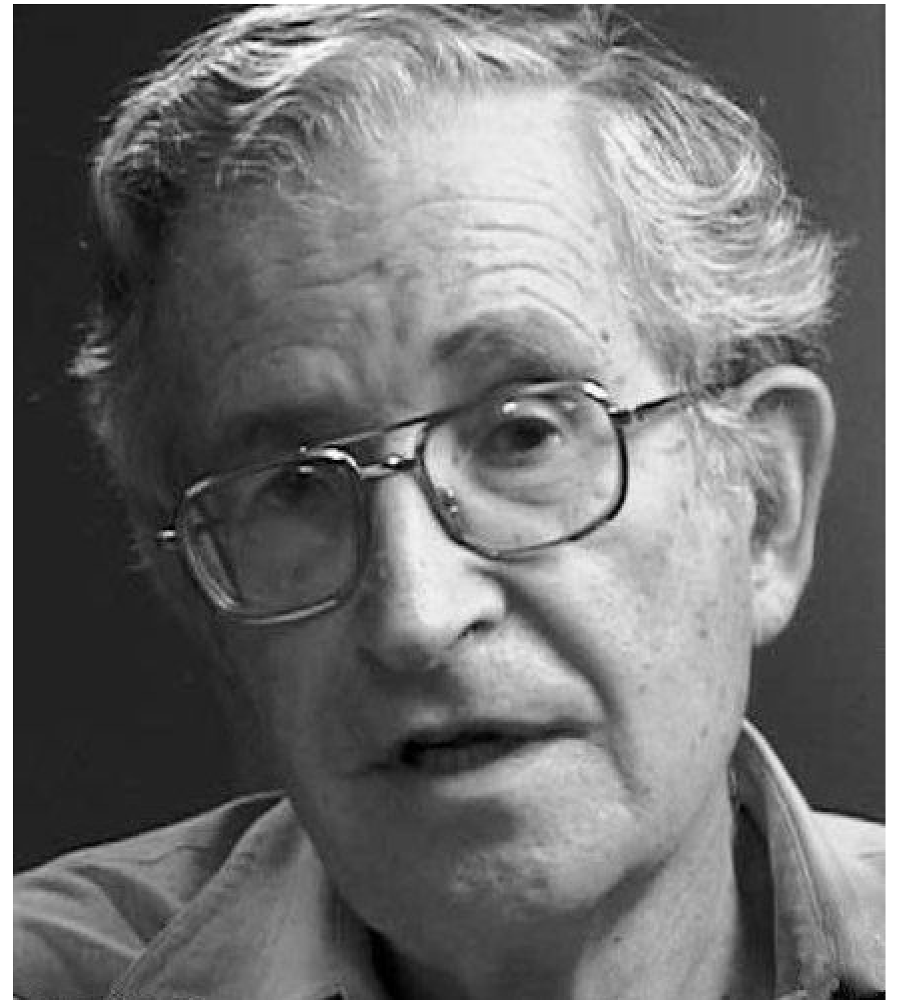


FIGURA 15.1: Noam Chomsky.

El argumento de Chomsky, que fundó una nueva disciplina llamada «gramática generativa», se puede resumir así: el cerebro no produce directamente las frases tal y como las pronunciamos, sino que primero construye una especie de fórmula básica llamada «estructura profunda» de la frase. Por ejemplo, si lo que vamos a pronunciar es la frase «No creo que Chomsky quiera que Dennett venga a la fiesta», el cerebro construye primero una estructura profunda, mucho más pegada al significado básico que queremos expresar, tal y como:

«Creo que (Chomsky quiere que [Dennett no venir a la fiesta])».

Sobre esa estructura básica o «profunda», el dispositivo cerebral automático de la sintaxis aplica una serie de transformaciones. Primero, transporta del verbo subordinado al principal:

«Creo que (Chomsky no quiere que [Dennett venir a la fiesta]).»

El transporte de la negación provoca automáticamente que el

verbo subordinado adopte el modo subjuntivo:

«Creo que (Chomsky no quiere que [Dennett venga a la fiesta]).»

Esa frase ya es pronunciable, pero lo más frecuente es que aplique otra ronda del mismo proceso, y que la negación vuelva a transportarse del verbo subordinado al principal:

«No creo que (Chomsky quiere que [Dennett venga a la fiesta]».

Lo cual vuelve a provocar automáticamente que el verbo adopte el modo subjuntivo:

«No creo que (Chomsky quiera que [Dennett venga a la fiesta]».

Y sólo entonces la frase se pronuncia. El hablante no tiene que pensar en esas transformaciones: el dispositivo lingüístico de su cerebro las aplica automáticamente. Comparando las gramáticas de varias lenguas del mundo, Chomsky dedujo que, pese a las grandes diferencias superficiales entre estos idiomas, los principios generales abstractos de la transformación (de la estructura profunda en la frase pronunciada) son universales en la especie humana. Un ejemplo de principio general abstracto es el que acabamos de ver: la operación que hemos denominado «transporte de la negación» puede aplicarse en serie a una cascada de verbos subordinados (para cierta clase de verbos que expresan creencias, convicciones o deseos, como en nuestro ejemplo de la fiesta) en cualquier lenguaje humano. Chomsky identificó un par de docenas de principios abstractos universales de este tipo, y propuso que esos principios no reflejaban otra cosa que las tripas del dispositivo lingüístico cerebral con el que todo ser humano está equipado desde el nacimiento. El lingüista del MIT había asestado un golpe mortal a la escuela psicológica hegemónica hasta entonces, el conductismo, que sostenía que el cerebro humano nace como una *tabula rasa,* y que sólo la imitación, la asociación, la experiencia y el aprendizaje van estableciendo en él, poco a poco, los *hábitos* que conforman el intelecto humano. El principal representante de esta escuela de pensamiento fue Burrhus Skinner.



FIGURA 15.2: Chomsky es un afamado activista político, pero sus cruciales teorías gramaticales son poco conocidas por el gran público.

La propuesta chomskyana de que el lenguaje es esencialmente una propiedad innata del cerebro humano lleva casi 50 años irritando hasta el sofoco a insignes autores de las más variadas disciplinas relacionadas con la mente: lingüistas, filósofos, neurobiólogos, psicólogos experimentales y *cyborgs* de la inteligencia artificial. De hecho, la gramática generativa de Chomsky —la primera evidencia sólida de que la inteligencia humana está basada en dispositivos cerebrales especializados e innatos— abrió una brecha monumental en el seno de todas esas materias, que actualmente tienden a agruparse en un área interdisciplinaria de enorme interés denominada «ciencias del conocimiento». Esa brecha todavía permanece abierta y en muy buena forma, como veremos. Pero la frontera entre lo chomskyano y lo skinneriano no tiene un perfil simple. No separa a los científicos de los humanistas, por ejemplo, sino que divide a los científicos en dos campos, por un lado, y a los humanistas en otros dos campos, por otro. Los *cyborgs* de la Inteligencia Artificial tienden a estar del lado de Skinner, y los neurobiólogos al lado de Chomsky. Algunos filósofos y psicólogos cojean de la pierna skinneriana, y el resto forma equipo con los lingüistas para cargar el peso sobre el pie chomskyano. La gramática generativa es una especie de gen selector que subdivide

cada territorio académico en dos compartimentos (García-Bellido, por cierto, ha sido siempre un voraz lector de Chomsky, y ha especulado en extenso sobre la curiosa relación abstracta entre la gramática y la genética).

Uno de los principales elementos que han acabado de empantanar la discusión es la vaporosa extravagancia con que el propio Chomsky parece interpretar el *significado último* de sus teorías lingüísticas. La ciencia de Chomsky es sólida, brillante y luminosa como una piedra Rosetta, pero sus reflexiones sobre ella —sus cábalas *metacientíficas*— se deshacen en brumas pseudomísticas con una facilidad desconcertante. Del genial creador de la lingüística moderna, uno esperaría alguna idea sólida e innovadora sobre los orígenes evolutivos de ese órgano cerebral del lenguaje que él mismo propuso tan brillantemente en los años cincuenta, pero he aquí una refutación inapelable de esa ingenua esperanza:

> Puede ser que en algún periodo remoto tuviera lugar una mutación que diera lugar a la propiedad de la *infinidad discreta,* quizá por razones relacionadas con la biología de las células, explicables en términos de las propiedades de mecanismos físicos ahora desconocidos [...]. Es muy posible que otros aspectos de su desarrollo evolutivo reflejen de nuevo la operación de leyes físicas aplicadas a un cerebro de un cierto grado de complejidad. (CHOMSKY, 1988.)

¿Alguien ha entendido algo? Chomsky parece creer que el problema de la evolución del lenguaje no puede reducirse al de la evolución de nuevos tipos de arquitecturas de las redes neuronales —como es obvio que debe ser—, sino a alguna extraña alteración de la *biología de las células* que no sólo ignoramos minuciosamente en qué consiste, sino que para colmo se basa en no sé qué *mecanismos físicos* ahora desconocidos. Este potaje metacientífico recuerda mucho a las tesis avanzadas pocos años después por el gran matemático británico Roger Penrose, que en *La nueva mente del emperador* se empeñó en sostener, incomprensiblemente, que para explicar la consciencia humana había que invocar nada menos que una síntesis revolucionaria entre... ¡la mecánica cuántica y la gravedad relativista! Por más ejemplos que vayamos conociendo, nunca deja de sorprender la candorosa incompetencia que exhiben para el pensamiento biológico muchos grandes teóricos de otras disciplinas. Ciento veinte años antes que Chomsky y que Penrose, y sabiendo muchísimo menos que ellos, Darwin publicó unas reflexiones sobre la evolución de la consciencia

humana incomparablemente más interesantes y cabales que las de estos dos geniales pensadores contemporáneos. Confieso mi desconcierto ante esta paradoja inextricable, y ruego a cualquier lector que tenga o conozca alguna idea al respecto que me la haga saber por correo electrónico.

Stephen Jay Gould formó equipo con Chomsky en los años ochenta, de forma quizá no del todo sorprendente. Al fin y al cabo, ninguno de los dos creía que la evolución del lenguaje pudiera explicarse por un mecanismo darwiniano. La razones de Chomsky para ello no están muy claras, como acabamos de ver. Las de Gould, mucho más sólidas, ya las repasamos en el capítulo 5. Gould admite que la selección natural fue probablemente la causa del incremento del tamaño del cerebro durante la evolución de los homínidos, pero cree que el lenguaje no es obra directa de los graduales oficios del darwinismo, sino un mero *efecto secundario* del incremento bruto de la capacidad craneal. En 1989 escribió:

> [Los principios universales] del lenguaje son tan diferentes de cualquier otra cosa existente en la naturaleza, y tan caprichosos en su estructura, que parecen indicar que su origen fue una consecuencia de la incrementada capacidad del cerebro, y no un simple avance continuo desde gruñidos y gestos ancestrales. Este argumento sobre el lenguaje no me pertenece bajo ningún concepto, aunque lo suscribo por completo; esta línea de razonamiento se infiere directamente como una lectura evolutiva de la teoría de la gramática universal de Noam Chomsky. (GOULD, 1989.)

Pese a las desviaciones pseudomísticas de Chomsky, el punto de vista de Gould nos devuelve el debate sobre el lenguaje al dominio de la biología evolutiva del planeta Tierra, lo que es muy de agradecer. Las dos posturas enfrentadas —no importa cuál prefiera uno— pueden ahora al menos *entenderse*. No soy capaz de igualar el nítido análisis que Daniel Dennett ha realizado sobre este ángulo de la cuestión, así que lo mejor es que lo oigan ustedes de sus labios:

> La sugerencia de Chomsky según la cual es la física, y no la biología (ni la ingeniería), la que puede explicar la estructura del órgano del lenguaje es una doctrina del más puro estilo anti-Spenceriano [el «Spencerianismo», en la peculiar nomenclatura de Dennett, es la idea neodarwiniana de que la complejidad de un organismo es consecuencia de la

> complejidad del entorno en que ha evolucionado; en una doctrina «anti-Spenceriana», el organismo desarrolla funciones complejas *desde dentro*, sin que importe la complejidad del entorno. Chomsky prefiere pensar que los genes reciben el mensaje [no del entorno sino] de alguna fuente de organización intrínseca, ahistórica, independiente del ambiente: de la «física», por así decir [...]. El adaptacionismo es una doctrina Spenceriana, y también lo es el conductismo de Skinner [...]. Según el conductismo, lo que Skinner llamó «el entorno controlador» es lo que da forma al comportamiento de todos los organismos. (DENNETT, 1995.)

Así pues, los «mecanismos físicos desconocidos» a los que se refería Chomsky no son, en el fondo, más que una nueva versión del muy vapuleado *monstruo esperanzado* de Richard Goldschmidt. Evolución a saltos, irrelevancia de la selección natural, fuerzas evolutivas originadas en el interior del genoma, niños que se salen de la isla para caerse al mar, etcétera. Coincido plenamente con esta interpretación de Dennett. La controversia entre chomskyanos y skinnerianos es, en efecto (y tal vez a pesar del propio Chomsky), un aspecto muy relevante del gran debate científico sobre el darwinismo que nos ocupa en este libro. La hipótesis skinneriana de que el intelecto humano nace en gran medida como una *tabula rasa,* y sólo se va conformando después, a lo largo del crecimiento del niño, a base de asociación y aprendizaje, a base de *copiar la complejidad* del entorno, puede entenderse muy bien como una extensión natural del darwinismo. Si el cerebro humano ha evolucionado a partir del de un primate a base de ínfimas mejoras graduales, acumuladas durante cientos de miles de generaciones bajo el examen continuo de la selección natural, la hipótesis más natural es que la mente humana consiste en un desarrollo espectacular, pero meramente cuantitativo, de la *protomente* de un mono. Recuerden el ojo: por muy asombroso que nos parezca este dispositivo biológico, basta encontrar una ruta darwiniana gradual, parsimoniosa y ventajosa para su portador en cada pequeña mejora, para poder entenderlo como un producto de la selección natural, es decir, como una suma progresiva de pequeñas adaptaciones.

En cambio, la hipótesis chomskyana de que el lenguaje es un dispositivo cerebral especializado e innato se compadece muy mal con el gradualismo darwiniano. Si el lenguaje es la manifestación de un órgano cerebral especializado en aprender a hablar, diga Chomsky lo que diga, ese órgano debe poseer una arquitectura neuronal nueva y

cualitativamente distinta del resto del córtex cerebral. El resto del córtex puede tener propiedades asombrosas, pero es un perfecto inútil cuando de lo que se trata es de aprender a hablar, algo que hace sin ningún esfuerzo el órgano cerebral del lenguaje gracias a las peculiaridades de la red de conexiones que forman sus neuronas. En el paradigma chomskyano, la hipótesis más natural no es que el lenguaje ha evolucionado gradualmente desde un *protolenguaje* simiesco —los gruñidos y gestos a los que se refería Gould—, sino que lo ha hecho de forma cualitativa, brusca, saltatoria. Para la escuela chomskyana, las palabras son *monstruos esperanzados.* Las posturas skinneriana y chomskyana son, desde luego, los dos extremos de un continuo teórico, y la verdad puede acabar estando en cualquier punto intermedio. Pero la cuestión puede replantearse así: ¿Basta el enfoque darwiniano para resolver el inmenso problema de la evolución del lenguaje? ¿Podemos pintar un cuadro darwinista convincente para explicar su origen?

Lo que necesitaríamos es una ruta gradual viable desde la falta total de lenguaje, típica del chimpancé, hasta la presencia total del lenguaje, típica del *Homo sapiens:* una ruta en la que cada pequeño paso suponga de por sí una ventaja para su portador. Un buen marco para abordar esta cuestión son los experimentos y conceptos desarrollados en la última década por un grupo de psicólogos, lingüistas, filósofos y especialistas en Inteligencia Artificial estadounidenses, entre los que se encuentran, además del propio Dennett, Frank Keil, Ray Jackendorff, Nicholas Humphrey, Alan Leslie, Simon Baron-Cohen, John Holland y Rodney Brooks. Aunque estas ideas no forman aún un cuerpo teórico unificado, podemos agruparlas provisionalmente, para entendernos, bajo el título de «teoría del explorador», y enunciarlas así: el lenguaje no es un novelista que inventa un mundo cerebral de palabras, sino un explorador que encuentra un mundo cerebral ya formado y lucha para describirlo con palabras. Otro intento: el lenguaje no evolucionó como un sistema formal abstracto, aplicable a cualquier mundo real o imaginario (aun cuando hoy sí lo sea hasta cierto punto); el lenguaje, recién llegado al cerebro en algún momento de la evolución de los homínidos, se encontró desde el principio con un mundo mental muy complejo y elaborado, y todo lo que pudo hacer fue *explorarlo,* recorrerlo poco a poco para poner nombres a sus peculiaridades geográficas.

Visualicemos esto haciendo uso de la teoría de la consciencia primaria de Edelman y Tononi (lo que no quiere decir que esta teoría sea aceptada por los científicos mencionados en el párrafo anterior).

El más bestia de los *Australopithecus* ya disponía, como cualquier otro primate, de un sistema complejo para formar escenas conscientes unitarias, gracias a la interacción paralela y rápida (150 milisegundos) de las percepciones de cientos de *especialistas* del córtex. Las más comunes de estas escenas conscientes encarnarían conceptos abstractos omnipresentes en la vida diaria, como «pertenencia», «estar vivo», «estar allí delante», «moverse hacia aquí», etcétera (recordemos que un concepto no es más que una escena consciente con las conexiones reforzadas por la frecuente ocurrencia simultánea de sus componentes). Esos conceptos ya existían antes que las palabras. Cuando el lenguaje hizo su entrada en el escenario evolutivo, no lo hizo como el sistema formal abstracto que es hoy, sino que se tuvo que conformar con *explorar* modestamente esos conceptos o escenas conscientes preexistentes, la sustancia de la que ya estaba hecha la mente del mono, y empezar tímidamente a ponerles nombres: mío, tuyo, en, entre, ir, venir, dar, tomar. Estas palabras y otras de naturaleza similar, que existen en todos los idiomas con un sonido u otro, suelen ser las que tienen unas raíces etimológicas más profundas, y también las que exhiben unas estructuras más irregulares: un reflejo, tal vez, de que se inventaron mucho antes de que el lenguaje fuera un sistema formal, lleno de regularidades. Las primeras palabras no inventaron conceptos: se limitaron a describir los conceptos anteriores al lenguaje, sobre todo los más comunes o importantes: los conceptos generados por la consciencia primaria de un mono.

No hay límite inferior para este argumento. El origen evolutivo del lenguaje puede ser tan simple y primitivo como queramos. Unos cuantos gruñidos simiescos aprendidos por imitación pueden valer, después de todo, como punto de partida. Quizá un *Australopithecus* pudiera aprender por imitación a asociar unos cuantos gruñidos con otros tantos estados conscientes *(conceptos)* visuales o emocionales. Es posible incluso que ese arcaico *protolenguaje* pudiera perfeccionarse a lo largo de las generaciones de *Australopithecus* por mecanismos, por así decir, culturales. Pero lo que va de ahí al órgano del lenguaje innato demostrado por Chomsky parece aún un abismo insalvable. Ese órgano debe estar hecho de redes de neuronas con una arquitectura especial innata, es decir, diseñada por los genes durante el desarrollo del cerebro. ¿Qué tiene que ver que el *Australopithecus* pueda *aprender* unos cuantos gruñidos con la posterior evolución de los genes que *saben hacer* una arquitectura neuronal innata del lenguaje? Los *Homo sapiens* llevamos miles de años enseñando a nuestros hijos a atarse los cordones de los zapatos, y no por ello hemos conseguido que el cerebro humano desarrolle un órgano innato que aprenda a atarse los

cordones sin casi ningún esfuerzo por parte del niño. ¡Qué bien nos vendría Lamarck aquí! Si el resultado del esfuerzo de un homínido por mejorar sus gruñidos a lo largo de su vida pudiera imprimirse en los genes de su hijo, dispondríamos de un poderosísimo mecanismo para la evolución del lenguaje: un mecanismo para que los genes de un homínido (y por lo tanto sus arquitecturas neuronales innatas) incorporen en el *disco duro* el valioso aprendizaje de sus antepasados. Pero el lamarckismo está prohibido, ¿no? El aprendizaje de un individuo depende de su cerebro, pero los genes de su hijo dependen de sus células sexuales (óvulos o espermatozoides), y no hay ningún mecanismo capaz de transferir la información desde el cerebro hasta las células sexuales. Estamos perdidos, ¿no es cierto?

Pues no, no es cierto. En los animales con cerebro, hay una forma de imitar a Lamarck sin salirse del darwinismo o, mejor dicho, hay una forma de convertir el darwinismo más ortodoxo en un mecanismo casi tan rápido y eficaz como el lamarckismo. Se llama *efecto Baldwin* en honor de su descubridor, el psicólogo estadounidense James Mark Baldwin (1861-1934).

El efecto Baldwin puede resumirse en una especie de *slogan* publicitario: lo aprendido se hace instinto. O, con un poco más de precisión: cuando un cerebro es capaz de aprender algo, el resultado de ese aprendizaje acaba, generaciones después, formando una estructura innata en el cerebro del recién nacido. ¿Qué clase de herejía darwinista es ésta? Ninguna, como veremos inmediatamente.

La razón de que el efecto Baldwin funcione es que el aprendizaje y las tendencias innatas del cerebro no son dos cosas tan distintas. En realidad, se basan en gran medida en *las mismas* propiedades estructurales de la arquitectura cerebral. En términos neuronales, aprender algo no es más que reforzar ciertas conexiones sinápticas y debilitar otras. Y un dispositivo innato del cerebro no es más que una serie de conexiones sinápticas reforzadas o debilitadas desde el nacimiento, sin que medie aprendizaje alguno (o sin que medie mucho). Veamos cómo funciona esto en un ejemplo hipotético.

Conducir un coche o tocar la batería implica un tipo de coordinación entre los dos brazos y las dos piernas con el que no estamos equipados de nacimiento. El aprendizaje y la experiencia modifican la fuerza de las conexiones sinápticas y, de hecho, *fabrican* una arquitectura neuronal que permite esa coordinación, o mejor, que *encarna* esa coordinación a todos los efectos. Antes de que existieran coches y baterías, la variabilidad genética natural producía niños que tenían parte de ese trabajo hecho de nacimiento: algunas de esas conexiones sinápticas reforzadas ya estaban ahí sin necesidad de

ningún aprendizaje, por la más pura y simple casualidad darwiniana: (1) los genes cambian al azar, (2) los genes afectan a las conexiones sinápticas, y por tanto (3) la población tiene una gama continua y aleatoria de conexiones reforzadas innatas. Lo que ocurre es que, antes de que hubiera coches y baterías, esa gama no valía para nada, no tenía un problema en el mundo exterior contra el que medirse, y por tanto no podía ser objeto de selección natural. Todos los seres humanos, por diferentes que fueran en su capacidad innata para conducir coches y tocar baterías, eran idénticos respecto a esos retos del entorno todavía inexistentes. Los genes, y las arquitecturas neuronales innatas fabricadas por ellos, permanecerían variando aleatoriamente una generación tras otra, sin que ninguna fuerza selectiva favoreciera a una variante sobre las demás y acabara transformando la composición genética de la población. La capacidad innata de coordinar las cuatro extremidades para la conducción o la batería era *invisible* para la selección natural, y *no hubiera podido evolucionar jamás* en esas condiciones.

Pero la invención del coche o de la batería, y su extensión en nuestra cultura, habrían cambiado la situación radicalmente. A partir de entonces, todo el mundo podría aprender a manejar esos artefactos, y las diferencias innatas en la capacidad de coordinación, tan aleatorias como antes, se harían *visibles* para la selección, porque unos individuos aprenderían a conducir más rápida y fácilmente que otros. Si conducir o tocar la batería fuera importante para la supervivencia o para la reproducción, la selección natural acabaría creando un órgano (más o menos) innato para conducir coches o tocar baterías. Un órgano cerebral que jamás hubiera evolucionado si no se hubieran inventado esos artefactos. En eso consiste el efecto Baldwin. Por supuesto, no vivimos en un mundo en el que esas actividades afecten a la supervivencia y a la reproducción, y lo más probable es que ese órgano cerebral no evolucione jamás. Pero en la prehistoria humana, la posesión del lenguaje, incluso en sus formas más toscas y primitivas, pudo muy bien ser esencial para que una tribu de homínidos saliera adelante en un mundo difícil. La variabilidad aleatoria en la estructura innata del córtex cerebral no servía de gran cosa hace seis millones de años, pero los primeros gruñidos de un *Australopithecus* (o de cualquiera que fuera el homínido que logró proferirlos) pudieron cambiar la situación radicalmente. Todos los homínidos de esa tribu o población podían ahora aprender a gruñir media docena de conceptos, y cualquier diferencia innata en la *facilidad para aprender* ese simiesco protolenguaje se convertiría instantáneamente en una propiedad *visible* para la selección natural. El

efecto Baldwin —lo aprendido se hace instinto— predice que el cerebro acabaría desarrollando una serie de conexiones sinápticas innatas que facilitarían enormemente el aprendizaje del lenguaje. De este modo, Baldwin nos lleva a Chomsky. El efecto Baldwin es un poderosísimo mecanismo evolutivo en los animales con cerebro, es decir, con cierta flexibilidad neuronal, con cierta capacidad de aprendizaje.

El lenguaje es un fenómeno explosivo. Unos cuantos gruñidos, o unas cuantas palabras que no inventan nada nuevo, sino que se limitan a *explorar* los estados de consciencia preexistentes, pueden parecer un logro más bien modesto, pero suponen de por sí un paso de gigante, porque añaden un nuevo plano superpuesto a la película formada por las fugaces escenas de la vida consciente. Hemos visto que una de esas escenas dura 150 milisegundos. La palabra que la designa, sin embargo, está ahí todo el tiempo que queramos: nos permite congelar la escena en la mente y tomamos tiempo para manipularla, combinarla con otras, recordar sus efectos, *predecir* qué ocurrirá cuando nos encontremos otra vez con una escena similar, o con una serie de escenas similares. Unas cuantas palabras crean por sí solas un nuevo nivel de control consciente de la consciencia: una metaconsciencia. El chimpancé *ve* escenas conscientes dentro de su cabeza, y forma conceptos en el sentido de Edelman. El homínido dotado de lenguaje (por primitivo que sea) *ve* además otro tipo de información: una *clasificación* de las innumerables escenas conscientes en categorías manejables, manipulables, comunicables, combinables. Una docena de palabras no sirven para escribir la *Crítica de la razón pura*, pero sí para ensamblar, por primera vez en la historia de la vida, una cadena de pensamiento mucho más consistente e interesante que la *película* que corre a seis escenas conscientes por segundo en la cabeza de los demás primates. En el principio fue el verbo, y (gracias al efecto Baldwin) el verbo se hizo carne.

El lenguaje, en el sentido amplio en que venimos usando aquí esa palabra, no es un dispositivo accesorio (o *periférico,* como dicen ahora los tenderos informáticos) que se puede enchufar al cerebro de un mono para permitirle hablar al instante. Como hemos visto, el lenguaje se sustenta firmemente, desde su mismo origen, en el mapa conceptual de los estados de consciencia, es decir, en la mayor parte del córtex cerebral. El cerebro humano tiene zonas discretas, como el área de Broca, situada más o menos por encima de la oreja, cuyas lesiones afectan drásticamente al lenguaje. Pero la evolución del lenguaje no consiste simplemente en la aparición súbita de esas áreas. De hecho, los chimpancés tienen un equivalente al área de Broca,

aunque es obvio que no la usan para hablar, ni para nada parecido. El cerebro humano difiere del de otros primates en numerosas propiedades. Mide el triple que el cerebro de un simio de estatura similar, gracias a que continúa creciendo un año después del nacimiento. Las áreas que procesan la información olfatoria se han encogido enormemente. Las zonas visuales superiores, las que tratan con los aspectos más abstractos de la información ocular, se han expandido mucho. Los lóbulos más frontales, relacionados con la formación de conceptos y la toma de decisiones, miden el doble que en cualquier otro primate, una vez corregido el tamaño del cuerpo. La evolución del lenguaje parece haber estado asociada a una reorganización general y exhaustiva de todas las áreas del córtex cerebral. Quizá haya sido su causa, quizá su consecuencia. No lo sabemos. Pero todos esos ajustes simultáneos en muchas áreas del córtex no pueden ser el producto de un salto evolutivo. El éxito biológico del ser humano se basa en lo mismo que su éxito cultural: en su capacidad para afrontar los retos del entorno mediante el *conocimiento abstracto* de ese entorno, mediante la clasificación del mundo en categorías conceptuales, mediante la capacidad de predicción que confiere el reconocimiento de las regularidades del mundo externo, tan aparentemente caótico e impredecible. El cerebro humano está exquisitamente adaptado para esa avanzada función cognitiva y, como sabemos, la única teoría que puede explicar la adaptación es la selección natural darwiniana. Este libro es una crítica del darwinismo contemporáneo, pero tengo la convicción de que la evolución del cerebro humano sólo puede comprenderse a la luz de la selección natural darwiniana.

Ello no quiere decir que la evolución modular no haya tenido un papel relevante en este asunto. Es casi seguro que sí lo ha tenido. Hemos visto varios saltos en el registro fósil de los homínidos, particularmente en el tamaño del cerebro, y su causa principal ha sido con toda probabilidad la evolución modular: duplicaciones, o activaciones en nuevos lugares y tiempos, de genes que regulan a redes integradas de otros genes. El desarrollo del cerebro está en gran parte regido por *los mismos* genes selectores y diseñadores, con sus baterías completas de genes *downstream,* que el resto del cuerpo. El cerebro *es* un trozo de cuerpo, y está hecho de módulos anatómicos diseñados por módulos genéticos. Es seguro que la evolución habrá jugado con la duplicación y reutilización de esos módulos, y en ese sentido (ya casi trivial a estas alturas) la evolución modular habrá sido una fuerza esencial en la construcción prehistórica del cerebro humano. Pero lo que hace especial a los sistemas nerviosos no es eso,

sino su capacidad de aprendizaje, por virtud de la cual el cerebro de un animal adulto es *físicamente* distinto —compuesto por distintos conjuntos de conexiones sinápticas reforzadas— que el de ese mismo animal recién nacido. Este simple hecho permite entrar en juego al poderosísimo efecto Baldwin —lo aprendido se hace instinto—, que muy probablemente ha guiado la evolución de los cerebros animales desde su mismísimo comienzo, hace 600 millones de años, y sin duda ha cobrado una importancia exponencialmente creciente durante la evolución de los primates y los homínidos. Si me obligan a dar el nombre de dos ganadores en esta larguísima guerra académica, les diré que, según creo, Darwin y Baldwin conforman la esencia de la evolución humana. Bien por la apabullante ciencia anglosajona decimonónica.

16

Más allá de Darwin

No se puede decir que Darwin tuviera miedo a las extrapolaciones. De sus observaciones de 1835 en las Galápagos, Darwin no concluyó que algunos pájaros mostraban cierta variabilidad en condiciones concretas de aislamiento geográfico, sino llana y directamente que las especies —así, en general— no eran estables. Eso es una extrapolación, ¿no les parece? Cuando, de vuelta a Inglaterra, su amigo John Gould le dijo que sus especímenes de pinzones no eran distintas variedades de una especie, sino distintas especies, su reacción casi inmediata fue postular que *toda* la vida en la Tierra había evolucionado a partir de «una o unas pocas formas» simples y primordiales, lo que tampoco está mal como extrapolación. Sin embargo, nunca acabó de animarse a dar un paso más atrás. Darwin podía muy bien haber dicho: Dadme una bacteria y os devolveré un ser humano. Pero nunca pretendió que su teoría de la evolución pudiera explicar la formación de la primera forma de vida primitiva, o de la primera bacteria, como diríamos hoy. Sólo un año después de la publicación de *El origen de las especies,* Darwin le escribió al naturalista norteamericano Asa Gray: «Me inclino a ver todo como el resultado de leyes diseñadas, con los detalles, sean buenos o malos, dejados a los oficios de lo que podríamos llamar azar». Darwin abandonó su fe cristiana durante la travesía del *Beagle,* pero nunca la sustituyó del todo por un ateísmo de corte moderno. Más bien, y al igual que su abuelo Erasmus, pareció abrazar una forma de deísmo, la creencia de que Dios había creado el mundo y sus leyes generales y después no había vuelto a intervenir. De ahí las «leyes diseñadas» que aparecen en la cita anterior. La sexta edición del *Origen,* de 1872, contiene nueve referencias a Dios. He aquí la más significativa:

> Autores eminentísimos parecen estar plenamente satisfechos con la opinión de que cada especie ha sido creada de manera

> independiente. A mi juicio, se aviene mejor a lo que conocemos de las leyes fijadas en la materia por el Creador el que la producción y extinción de los habitantes pasados y presentes del mundo hayan sido debidas a causas secundarias, como las que determinan el nacimiento y la muerte del individuo.

No podemos culpar a Darwin por esos coqueteos con la divinidad, y tampoco podríamos censurarle por creer que la primera forma de vida (y las leyes que la rigen) habían sido diseñadas por el Creador, si es que es eso lo que creía Darwin. La vida parecía, siempre había parecido, una cosa esencialmente diferente del mundo inanimado, y postular que el primer ser vivo, por simple y primitivo que fuera, se había formado a partir de la materia inerte debía parecer en la época un arrogante y extravagante exceso. Además, el darwinismo no es aplicable a cualquier objeto físico. Para poder actuar, el darwinismo necesita una entidad capaz de replicarse de forma levemente inexacta. Sólo así puede generarse una gama de entidades levemente distintas sobre la que pueda actuar la selección natural, perpetuando a unas y destruyendo a otras. Cualquier ser vivo cumple esas condiciones, y por lo tanto es susceptible de evolución darwiniana, pero la materia inerte nunca se comporta así. La materia inerte nunca saca copias de sí misma, ni exactas, ni levemente inexactas, ni garrafalmente dispares. ¿Cómo puede entonces la materia inerte *evolucionar* hacia una forma de vida, por simple que sea? Hemos visto varios saltos evolutivos en este libro, y cada uno de ellos ha supuesto un reto al darwinismo, pero todos ellos palidecen frente al origen de la vida. El paso de lo inerte a lo vivo es el salto de todos los saltos. No hablamos ya de un abismo evolutivo: hablamos de un abismo del que ni siquiera está claro que pueda ser evolutivo, un fenómeno que parece quedar fuera del ámbito de aplicación del darwinismo.

Esta situación cambió de golpe el 28 de febrero de 1953, cuando Francis Crick entró visiblemente emocionado en el pub *The Eagle,* en el centro de Cambridge, y anunció a la parroquia: «Hemos descubierto el secreto de la vida». Crick y Watson acababan de descubrir, a pocos metros del pub, la doble hélice del ADN, la razón última de que los seres vivos puedan sacar copias levemente inexactas de sí mismos. Y nada había de místico ni de especial en esa bellísima estructura: sólo bases químicas apareadas por las más ramplonas fuerzas eléctricas. Puede que Dios hubiera creado la vida, pero entonces Dios no era más que un bioquímico bastante vulgar. O, como hubiera dicho Darwin, «se aviene mejor a lo que conocemos» la idea de que el ADN, o algo parecido al ADN, se había formado en la Tierra a partir de sus

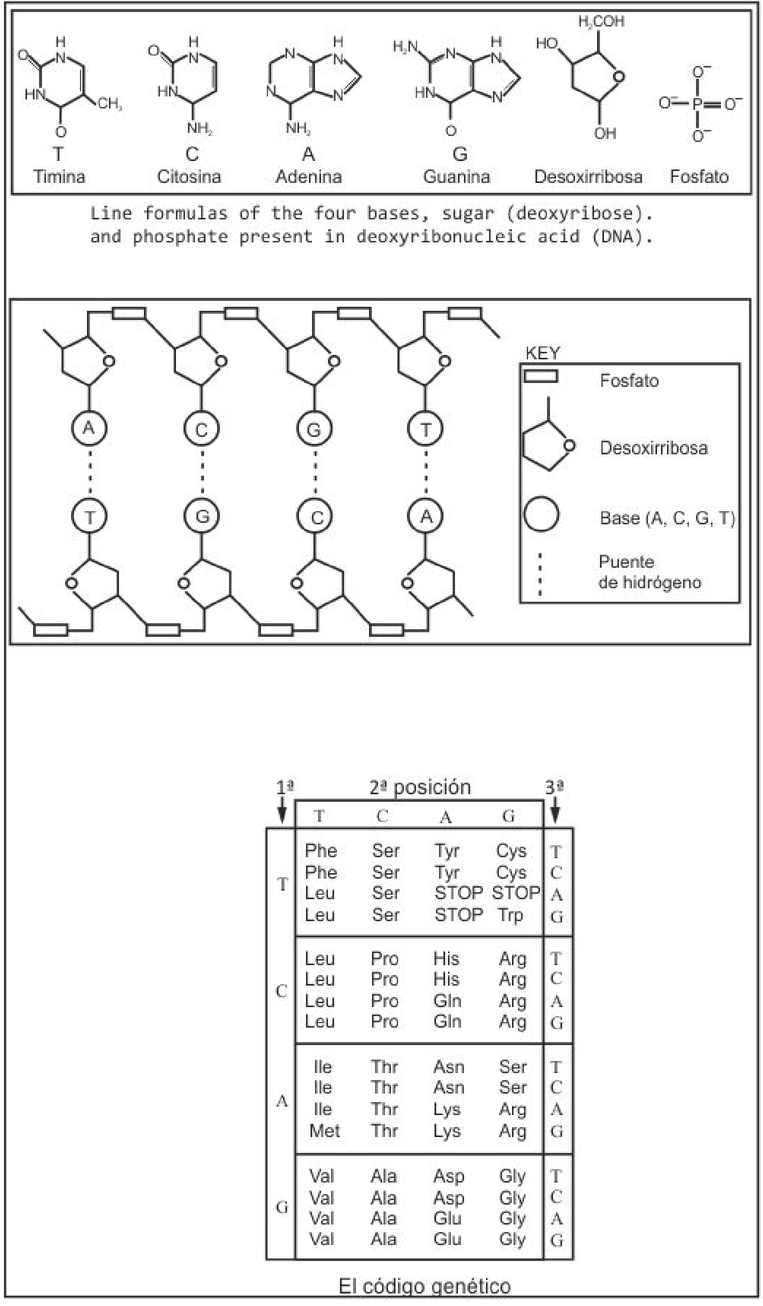
rastreros componentes químicos, sin más ayuda que el tiempo y una fuente de energía como la radiación solar. Para redondear esta segunda muerte de Dios, fue en el mismo año de 1953 cuando Stanley Miller y Harold Urey mostraron que los componentes químicos básicos de la vida podían formarse espontáneamente en un recipiente de laboratorio, sin más material de partida que las sustancias químicas más simples, como el agua, el metano y el amoniaco, y un torpe chispazo eléctrico sostenido durante una semana. Los grandes problemas conceptuales para que la vida pudiera surgir de la materia inerte habían sido barridos. Sólo quedaba resolver los detalles.

Pero cincuenta años después, los científicos siguen intentando resolver los detalles. El problema principal es que el ser vivo más simple que conocemos, el más pequeño microorganismo de vida autónoma, es ya extraordinariamente complicado. Si la primera célula, seguramente una bacteria, se formó en la Tierra a partir de la materia inerte, es obvio que no pudo hacerlo en un solo paso. Debió haber numerosos intermediarios. Y si fue así, ¿dónde están sus herederos? Los resultados de los miles de millones de ensayos para construir una bacteria. Los titubeos, las vacilaciones, las salidas en falso. La inmensa mayoría murieron sin dejar descendencia, por supuesto, pero ¿alguien se habría atrevido a predecir, a *deducir* de los principios darwinianos, que sólo habría un ganador de ese proceso? ¿Que una única célula bacteriana, surgida de la sopa química primordial, sí, pero dotada de toda la desesperante complejidad de cualquier célula por simple que ésta sea, iba a dar lugar a todos, a *todos* los seres vivos que existen actualmente y a todos los que ya han dejado de existir en este duro mundo de fiera competencia y flaca memoria?

Una solución simple puede muy bien ser única: cualquier instrumento que sirva para comer sopa debe tener la forma aproximada de una cuchara. Pero a nadie se le ocurre que una solución compleja pueda ser única. No puede haber una sola forma de organizar el tráfico en una ciudad de tres millones de habitantes (aunque el alcalde de Madrid parece pensar que no hay ninguna), como no puede haber una sola forma de analizar la historia del arte, ni de improvisar un solo de saxo sobre las armonías del *Giant Steps* de John Coltrane, ni de escribir una novela policiaca en la que el asesino resulte ser el narrador. Ni siquiera Bill Gates debe estar convencido de que *Windows* es el único sistema operativo capaz de hacer funcionar a un ordenador. Los problemas complejos siempre tienen numerosísimas soluciones. ¿Dónde están las *otras* soluciones para generar vida a partir de la materia inerte? Cabría esperar encontrarlas por todas partes, por mucho que, según nuestros criterios antropocéntricos,

resultaran menos brillantes, menos compactas o menos *evolucionables* que la solución que acabó generándonos a nosotros.

Pero el caso es que no es así. Todas las malditas células que constituyen su cerebro, lector, todas las malditas células que forman el hígado de un camello, todas las que conforman el ala de una mariposa y todas las condenadas bacterias que hay en el mundo, que también son células, descienden evidentemente de la misma Eva, de la única madre de todas las células. ¿No es esto sorprendente? Yo creo que es extraordinariamente sorprendente. Y sin embargo no hay la menor duda de que es así. Que Eva es una y sólo una se puede mostrar de muchas formas: la universalidad del metabolismo central, es decir, de las principales y complejas estrategias que todas las células usan para procesar energía; la universalidad de las membranas plasmáticas, las barreras que todas las células usan para individualizarse del entorno y para dividirse en múltiples compartimentos selectivamente estancos; la universalidad del ADN, el soporte que todas las células utilizan para almacenar información y replicarla establemente. Las pruebas son innumerables. Pero ninguna es tan aplastante como la universalidad del código genético.



1ª	T	C	A	G	3ª
T	Phe	Ser	Tyr	Cys	T
	Phe	Ser	Tyr	Cys	C
	Leu	Ser	STOP	STOP	A
	Leu	Ser	STOP	Trp	G
C	Leu	Pro	His	Arg	T
	Leu	Pro	His	Arg	C
	Leu	Pro	Gln	Arg	A
	Leu	Pro	Gln	Arg	G
A	Ile	Thr	Asn	Ser	T
	Ile	Thr	Asn	Ser	C
	Ile	Thr	Lys	Arg	A
	Met	Thr	Lys	Arg	G
G	Val	Ala	Asp	Gly	T
	Val	Ala	Asp	Gly	C
	Val	Ala	Glu	Gly	A
	Val	Ala	Glu	Gly	G

FIGURA 16.1: El código genético es el diccionario que traduce cada palabra de tres letras en el ARN (por ejemplo CAT, o TAG) por su aminoácido correspondiente.

La expresión «código genético» se utiliza mal el 99% de las veces que se utiliza, que son muchas. Casi todo el mundo la emplea como rimbombante sinónimo de «ADN», de «genoma» o incluso de «herencia», y posiblemente ya sea tarde para evitar la fijación de esos

significados corruptos. Pero el código genético es algo mucho más concreto que todo eso: es el sistema de reglas que transforma el lenguaje del ADN (…ACCAGCTTCGAC…) al lenguaje de las proteínas (…alanina-triptófano-glicina-glicina…, véase glosario). Cada serie de tres letras en el ADN de un gen *significa* un aminoácido en la proteína correspondiente, y el código genético no es más que el *diccionario* que traduce lo primero en lo segundo. Y la paradoja horrible es que, con extrañísimas e irrelevantes excepciones, ese diccionario es *el mismo* en todas las especies del planeta Tierra. La paradoja es horrible, como digo, porque no hay ninguna razón física para que «GCT» signifique el aminoácido «alanina», y por lo tanto la universalidad del código genético sólo puede estar revelando que toda la vida de la Tierra proviene de una sola bacteria primitiva que ya utilizaba ese diccionario. Pero entonces, ¿de dónde salió ese diccionario? Esto no supondría un problema asfixiante si el diccionario fuera simple, pero no lo es. El diccionario consiste en veinte proteínas (llamadas, espantosamente, aminoacil-tRNA sintetasas) que se ocupan de fabricar una batería de «adaptadores» (también llamados tRNAs o ARNts). Un adaptador es una molécula que lleva en un extremo tres letras y en el otro un aminoácido: no cualquier aminoácido, naturalmente, sino el aminoácido *significado* por las tres letras en cuestión. Que los adaptadores vinculen físicamente una serie de tres letras con un aminoácido concreto es la razón última de que el código genético sea el que es, y no otro. Y que los adaptadores sean así se debe a la actividad de la mencionada veintena de proteínas llamadas aminoacil-tRNA sintetasas. Pero estas proteínas no existirían si la información necesaria para construirlas no estuviera contenida en una veintena de genes. Y para traducir esos 20 genes a las 20 proteínas mencionadas se necesita un código genético. ¡Pero el código genético son precisamente esas 20 proteínas! ¿No les dije que era horrible? Parece una pesadilla de Escher.

Intuir cómo pudo evolucionar el código genético a partir de la materia inerte es posiblemente el mayor reto que tiene planteado ahora mismo el evolucionismo precelular. Desde los años sesenta no han faltado intentos de encontrar una solución a este crucigrama astral, pero la verdad es que no han sido muy fructíferos.

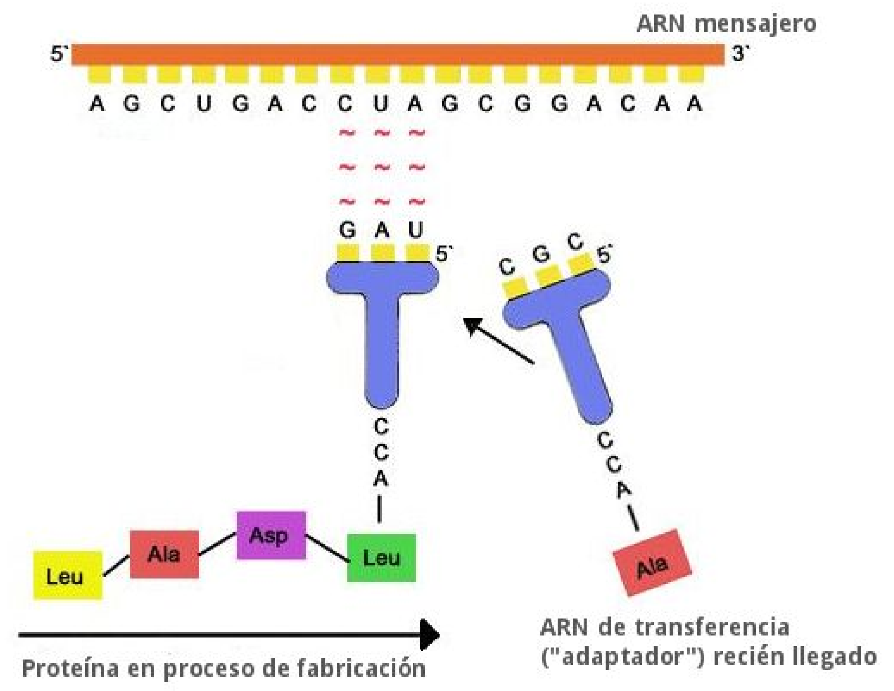


FIGURA 16.2: La razón de que el código genético sea el que es (y no otro) son estas moléculas adaptadoras, llamadas tARNs (ARNs de transferencia). Los tARNs llevan en un extremo tres letras de ARN y, en el otro, un aminoácido concreto. La relación entre las tres letras y el aminoácido no tiene una causa física inevitable: cualquier grupo de tres letras podría *significar* cualquier aminoácido. Que sean las que son es responsabilidad de las enzimas que sintetizan los tARNs: las aminoacil-tRNA sintetasas, que son la esencia última del código genético.

En septiembre de 1971, dieciocho años después de haber entrado en el pub *The Eagle* anunciando su descubrimiento del secreto de la vida, Francis Crick asistió a una reunión científica sobre «comunicación con la inteligencia extraterrestre» (CETI, en sus siglas inglesas) organizada en Yerevan, en la entonces Armenia soviética. Le acompañaba su amigo Leslie Orgel, uno de los mejores especialistas del mundo en el problema del origen de la vida. Sin duda inspirados por la atmósfera un punto *freak* que se respiraba en aquel congreso, y quién sabe si también por algún contundente bebedizo eslavo. Crick y Orgel se dejaron invadir por una duda casi metafísica. Así lo contó después el propio Crick:

> Leslie Orgel y yo tuvimos la idea de que quizá la vida sobre la Tierra se había originado a partir de organismos enviados en una nave no tripulada procedente de una civilización superior de alguna otra parte. Dos datos hicieron nacer en nosotros esta teoría, uno era la uniformidad del código genético, que nos sugería que la vida había evolucionado a través de una pequeña

> población, produciendo un cuello de botella. La otra era el hecho de que la edad del Universo parecía ser dos [o tres] veces mayor que la de la Tierra, con lo cual había tiempo para que la vida hubiera evolucionado dos [o tres] veces, desde los comienzos más simples hasta la inteligencia de alta complejidad […]. Llamamos a nuestra teoría panespermia dirigida. (CRICK, 1981.)

Pero ¿qué es esto? ¿Una especie de *deísmo científico*? Bueno, pues así parece considerarlo casi todo el mundo. Veamos rápidamente unas cuantas reacciones a la panespermia dirigida de Orgel y Crick. El primer ejemplo es de Daniel Dennett: «La razón por la que la ortodoxia prefiere asumir que la vida nació en la Tierra es que ésta es la hipótesis más simple y científicamente accesible. […] Los biólogos serían hostiles a cualquier hipótesis que propusiera que el ADN primitivo fue manipulado por ingenieros genéticos de otro planeta que alcanzaron el dominio de la alta tecnología antes que nosotros y nos hicieron un truco». Veamos otro de Robert Shapiro, químico especializado en ADN de la universidad de Nueva York: «Algunos científicos han sugerido la posibilidad de que la vida se originara en otra parte y desde allí migrara al planeta Tierra. Pero aunque hubiera sido así, seguiría sin resolverse la cuestión fundamental, que es la del mecanismo: ¿cómo llegó la vida a existir?». Aquí va otra, de Michael Ruse: «¡Es una memez! La panespermia no resuelve ningún problema, simplemente se lleva el problema un paso atrás. ¿De dónde salieron esos ingenieros extraterrestres?». Y, para no aburrir, acabemos con una de Lynn Margulis:

La primera bacteria era ya tan complicada que Sir Francis Crick, uno de los descubridores de la estructura del ADN, hizo una propuesta pasmosa. Crick escribió un influyente libro, *La vida misma,* que argumentaba que la vida, debido a su abrumadora complejidad, debe haber sido traída a la Tierra desde el espacio exterior. Sugirió que la vida bacteriana fue enviada aquí por una civilización extraterrestre para sembrar el planeta Tierra […]. Esta idea, llamada panespermia o pangénesis y postulada desde hace siglos, deriva, en mi opinión, de la ignorancia de la evolución en la Tierra. Transferir el problema del origen de la vida al espacio exterior es insatisfactorio. ¿Por qué la vida se habría originado en otro planeta más fácilmente que en la Tierra? Dondequiera que la vida celular se originara, se enfrentaría a los mismos problemas relativos al origen. (MARGULIS, 1998.)



FIGURA 16.3: Si los marcianos hubieran llegado ya a la Tierra, este sería su retrato de familia: de izquierda a derecha, Francis Crick, Alex Rich, Leslie Orgel y James Watson.

Como se ve, la panespermia dirigida no le gusta a casi nadie, y todos los argumentos contra ella se pueden resumir en uno: no resuelve nada, puesto que ahora hay que explicar cómo evolucionaron los ingenieros extraterrestres a partir de la materia inerte, y volvemos a estar en las mismas. La verdad es que dan ganas de tirar por la borda a la maldita panespermia dirigida, aunque sólo sea por lo difícil que debe resultar poner de acuerdo a Dennett, Ruse, Shapiro y Margulis para denostarla (y es seguro que se podrían añadir varios cientos más de nombres prestigiosos a la lista). Y sin embargo… ¿qué puedo decir? En 1951, el gran científico austríaco Erwin Chargaff, el mayor experto del mundo en la bioquímica del ADN, llamó «payasos» a Watson y Crick. Dos años después, los dos payasos propusieron la doble hélice del ADN, uno de los mayores descubrimientos científicos de la historia. El modelo de la doble hélice no sólo explicaba de inmediato por qué los seres vivos pueden sacar copias de sí mismos, sino que implicaba que la información genética —lo único que es distinto entre dos genes distintos— *debía* estar contenida en el orden de las bases a lo largo del ADN, al igual que la información literaria está contenida en el orden de las letras en un texto. Crick supo ver esto inmediatamente, pero casi ningún científico aceptó esa idea al principio: parecía demasiado nítida e ingenieril, demasiado *informática* para ser real. Pero resultó ser verdad. En 1961, colaborando con Sidney Brenner y basándose en un experimento genético

insultantemente simple y elegante —el único experimento que Crick ha hecho con sus propias manos en toda su larga vida— dedujo que el código genético estaba compuesto por palabras de tres letras (cada tres bases del ADN significan un aminoácido en la proteína), que no tenía comas y que las palabras sin sentido debían ser bastante infrecuentes. Varios laboratorios de la élite bioquímica —entre ellos el de Severo Ochoa— comprobaron tras años de trabajos forzados que todas esas predicciones de Crick eran exactas. En 1955, Crick postuló, sin más ayuda que la de sus neuronas, que el código genético, es decir, la traducción de los genes en proteínas, debía basarse en una serie de «adaptadores» —los acabamos de ver más arriba— hechos de ARN que por un lado mostraran un grupo de tres bases y por el otro llevaran pegado un aminoácido. Las tres bases debían ser complementarias a un grupo de tres bases en el gen, y debían unirse a ellas mediante un tipo débil de enlace químico conocido como puente de hidrógeno. El aminoácido, sin embargo, estaría pegado por otro tipo de enlace, más fuerte y llamado covalente, al otro extremo del adaptador. Los adaptadores imaginados por Crick fueron descubiertos muchos años después, y se denominaron ARNs de transferencia (o tARNs). Tenían exactamente las propiedades predichas por Crick. En el campo de la biología del desarrollo, Crick y su colaborador Peter Lawrence apoyaron en los años setenta una vieja teoría —los gradientes— que, tras ser denostada durante dos décadas por el *star system* científico, reveló en los años noventa su exactitud y fertilidad. En la biología del desarrollo, hoy no se ven más que gradientes por todos lados. En fin, yo me lo pensaría dos veces antes de decir que una teoría de Crick es una memez.

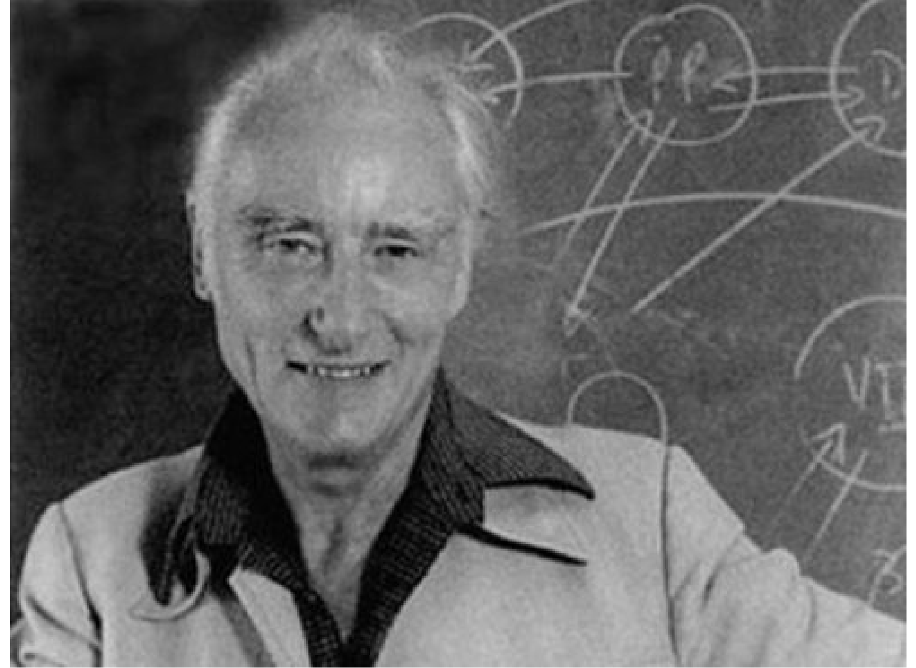


FIGURA 16.4 ¿Dudaría usted de una teoría de este hombre? Francis Crick y su enigmática pizarra, alrededor de 1980.

Es cierto que la panespermia dirigida no resuelve el fondo de la cuestión, puesto que si se acepta la teoría hay que explicar cómo evolucionaron los ingenieros extraterrestres a partir de la materia inerte, y no hemos adelantado nada (más bien hemos retrocedido varios miles de millones de años, y al menos cientos de años luz). Pero fíjense en dos cosas: primera, que el hecho de que una teoría no resuelva el fondo de un problema no quiere decir que sea errónea; y segunda, que el origen de la vida podría ser muchísimo más fácil de explicar en el planeta Mongo que en la Tierra. La dificultad horrible con la que se enfrenta cualquier hipótesis sobre el origen de la vida en la Tierra es que, aparentemente, sólo ocurrió una vez, como revela con particular claridad la universalidad del código genético. Pero ¿quién nos dice que en el planeta Mongo las cosas no sucedieron de otro modo?

Imaginemos, por ejemplo, que en Mongo, y después de unos pocos miles de millones de años de evolución, los primeros seres inteligentes descubrieran, andando la historia, las ciencias de la genética, la evolución y la biología molecular. Y que, tras cultivarlas, se dieran cuenta de que su propia estructura biológica era sólo una entre muchas otras soluciones existentes. Sigamos imaginando que los paleontólogos de aquella civilización alienígena acabaran por descubrir que los primeros organismos vivos tardaron miles de

millones de años en aparecer en su planeta, en un inacabable proceso de prueba y error que produjo varios tipos, y no sólo uno, de soluciones viables. Imaginemos que las predicciones darwinianas que nosotros, los terrícolas, hubiéramos hecho hace sólo cincuenta años, y que tan desencaminadas han resultado en la Tierra, fueran correctas en aquel planeta. Pues entonces ya lo tendríamos: nos habríamos llevado el problema a otro lado, en efecto, pero en ese otro lado lo habríamos resuelto, mira tú.

Quizá en Mongo sí hay cientos de formas de transición (entre la materia inerte y la primera célula) que han dejado descendientes para atestiguar la naturaleza gradual del proceso. Quizá en Mongo sí se cumplan las predicciones del darwinismo, o mejor dicho, de la extrapolación precelular del darwinismo: multiplicidad de ensayos, evidencias actuales de la transición gradual que generó la primera célula, pluralidad de códigos genéticos, etcétera. Es en la Tierra donde esas predicciones no parecen cumplirse. En el libro al que se refiere Margulis, que es de 1981, Crick ya planteó ese argumento explícitamente:

> Una persona honrada, armada con todo el conocimiento disponible en la actualidad, sólo podría afirmar que, en algún sentido, el origen de la vida parece por el momento casi un milagro [...]. De momento no podemos decidir si el origen de la vida en la Tierra fue un suceso extremadamente improbable o [tan probable que resultó] casi inevitable. O cualquier posibilidad entre esos dos extremos. Si fue altamente probable, no hay problema. Pero si resulta que fue muy improbable, estaremos forzados a considerar la posibilidad de que la vida pudiera haber surgido en otros lugares del universo en los que posiblemente, por una razón u otra, las condiciones fueron más favorables. (CRICK, 1981.)

Ésa es la verdadera razón de Crick para proponer una teoría tan lunática y tan mal vista como la panespermia dirigida: que todo indica que la evolución de la vida a partir de la materia inerte fue un suceso muy improbable en la Tierra (si es que ocurrió en la Tierra), hasta el punto de que, si tuvo lugar aquí, sólo ocurrió una vez, y con la consecuencia obvia de que podría perfectamente no haber ocurrido *ninguna* vez. Esto lo acepta casi todo el mundo. Lo que nos dice Crick es que esas dificultades no tienen por qué ser universales. La vida en otros planetas no tiene por qué mostrar una pauta tan extravagante, con un solo código genético omnipresente pese a su arbitrariedad, y

con las primeras bacterias apareciendo en el registro fósil en el mismo momento en que el planeta se enfrió y dejó de ser literalmente bombardeado por millones de devastadores meteoritos, cada uno con una potencia suficiente como para borrar del mapa cualquier intento previo de evolución precelular. Quienes critican a Crick porque su teoría no hace más que llevarse el problema un paso atrás no parecen haber entendido este punto. Y yo creo que *ése* es el punto crucial. La aparente improbabilidad de la evolución de la primera célula pone el problema del origen de la vida en el mismísimo límite de lo científicamente aceptable. Es necesario encontrar una explicación convincente para sortear ese horrible escollo. La panespermia dirigida es una posible explicación, y no mucho más lunática que las escalofriantes contorsiones que el *establishment* favorece en la literatura técnica sobre el origen de la vida. Lo que no vale es minimizar la magnitud del problema y seguir repitiendo la parábola de la sopa y el estanque templado como una letanía. Los rezos no son ciencia.

Un tema central de este libro es la evolución modular. ¿Puede ese esquema ayudar en algo en el asunto del origen de la vida? Dan ganas de pensar que sí: seguramente la célebre célula bacteriana primordial —llamémosla Eva— no se formaría de un golpe para pillar por sorpresa a todos los grumos prebiológicos estúpidos que flotaban a su alrededor por el estanque templado o la sopa química en la que evolucionó la vida. Si Eva iba a ser tan compleja, es tentador pensar que sus subsistemas debieron formarse mucho antes que ella. Incluso que las pequeñas partes de sus subsistemas se hubieran ido formando y que, dotadas de cierta autonomía, se hubieran reproducido, esparcido, diseminado. Algunas de sus combinaciones, puestas en común por el azar del encuentro, habrían logrado un éxito parcial de mayor nivel y luego se hubieran diseminado también. Algunas combinaciones de esas combinaciones se habrían alzado a un nivel mayor de integración de sistemas. Al final —al final del principio—, algunas combinaciones de combinaciones de combinaciones de partes (de partes *con sentido*) hubieran dado lugar a varias Evas que se habrían revelado como un nivel de organización mejor y más eficiente que todo lo anterior, y que habrían propagado su éxito para después seguir evolucionando de forma más fructífera que nunca. Nada se opone a un esquema de este tipo. Es más, muchos científicos que insisten en la naturaleza gradual de la evolución postcelular (a la que se refiere el darwinismo propiamente dicho) aceptarían de buen grado un esquema modular para la evolución precelular.

La idea, sin embargo, se enfrenta a un problema muy grave. Si las

cosas hubieran sucedido como acabamos de referir, cabría esperar encontrar por algún lado a los descendientes de esos seres autónomos y parcialmente exitosos que precedieron —y construyeron— a Eva, ¿no? Por incompletos o imperfectos que fueran según nuestras escalas, los descendientes de esas pre-Evas serían hoy seres vivos respetables. Algunos habrían encontrado nuevas combinaciones que, aunque no tan perfectas como Eva, habrían elevado a su estirpe a unos índices de organización más altos. Hoy encontraríamos en los seres vivos muchas formas de que una célula pudiera organizarse de forma compleja, algunas mejores que otras, algunas más flexibles para evolucionar que otras, muchas de ellas igual de buenas y de flexibles pero cada una con sus peculiaridades, con sus distintas soluciones, con sus caprichos. ¿No hubiera usted predicho esto? Yo sí, desde luego.

Echemos un vistazo a los otros ejemplos de evolución modular que hemos considerado en capítulos anteriores. El surgimiento de la célula eucariota no hizo desaparecer a las bacterias —a los *módulos*— que la constituyeron: los descendientes de esos módulos siguen hoy mismo nadando por ahí. La evolución de Urbilateria no hizo desaparecer a los metazoos de simetría radial que aportaron a Urbilateria sus módulos, formados por un gen selector y una batería coherente de genes *downstream.* Si la primera bacteria se formó por evolución modular, es decir, por la agregación o duplicación de subsistemas coherentes más o menos autónomos, yo esperaría encontrar rastros actuales de esos subsistemas, o al menos una combinación de ellos que fuera diferente de la omnipresente solución que dio lugar a *todos* los seres vivos que existen en la Tierra, incluido el código genético universal en este planeta. ¿Dónde están esos rastros del pasado modular de la primera célula? No los hay, que sepamos. Por supuesto, siempre puede uno agarrarse a que la aparición de la vida celular fue un éxito tan rotundo que barrió del mapa a todo lo anterior, pero, sinceramente, creo que las excusas de ese tipo son de todo punto inútiles en la ciencia teórica. Las predicciones *naturales* de la evolución modular no se cumplen en el caso del origen de la primera célula. Punto.

17

Coda

¿Recuerdan la metáfora musical del darwinismo que les planteé en el capítulo 2? El problema era transformar una melodia dodecafónica en el tema del *Concierto de Aranjuez* mediante pequeños pasos, cada uno de los cuales debía suponer una ligera mejora, una ínfima victoria de la tonalidad sobre el magma amorfo del atonalismo. No se trataba de un ejemplo realista, ya que en la historia real de la cultura las melodías tonales, como el *Concierto de Aranjuez,* no evolucionaron a partir de melodías dodecafónicas (las cosas, en realidad, ocurrieron exactamente al revés). Pero veamos ahora qué puede enseñarnos un ejemplo musical mucho más realista: el jazz, un asombroso invento evolutivo de la cultura humana. El jazz no surgió por una evolución darwiniana, gradual y parsimoniosa a partir del folclore norteamericano. Surgió de la suma constructiva de tres modos (o *módulos*) musicales que hasta principios del siglo XX habían permanecido totalmente separados e impermeables: el *blues,* las canciones de trabajo de los negros americanos y las marchas militares occidentales.

El resultado de una suma semejante no puede ser nunca perfecto, y el jazz fue en sus orígenes muy imperfecto, para desesperación de uno de sus primeros formalizadores, el gran Louis Armstrong. Su evolución darwiniana a lo largo de todo el siglo XX lo ha convertido en una forma musical cercana a la perfección. Y a la muerte. Afortunadamente, nuevos sucesos modulares lo han venido a rejuvenecer una y otra vez, en forma de toda clase de fusiones, hibridaciones y mestizajes, desde la incorporación de armonías de la música culta europea que encabezó Charlie Parker en los años cuarenta (el *be bop*), pasando por sus sucesivos hermanamientos con el rock *(fusión),* la samba *(bossa nova),* el folclore africano (*afrojazz*) y el flamenco (*flamenco-jazz*) en la segunda mitad del siglo, hasta la pareja de hecho que formó con el *acid* y otros estilos repetitivos en los

noventa. Cada hibridación con otro estilo ha devuelto al jazz su condición original de imperfecto, pero también ha renovado su creatividad, su fertilidad, su *evolucionabilidad.* No olviden este último y esencial concepto: la naturaleza creativa del jazz no viene de un progresivo, lento y difícilmente explicable incremento de *evolucionabilidad* a partir de un estilo musical inicialmente rígido y estéril como la marcha militar. Viene de la combinación súbita de tres o más tradiciones musicales rígidas y estériles, pero que dejan de serlo precisamente como consecuencia de su fusión, como resultado inevitable de la suma, por fuerza incoherente, de sus recursos, de sus lenguajes, de sus armonías y sus timbres.

Quisiera haber mostrado en este libro que los grandes acontecimientos creativos de la evolución biológica se parecen mucho al jazz. No quiero decir con ello que la selección natural no exista —en mi opinión es obvio que existe—, ni que el gradualismo darwiniano sea irrelevante en la historia de la vida, ya que seguimos sin disponer de otra teoría capaz de explicar las adaptaciones que las especies muestran a su particular entorno. Lo que quiero decir es que los grandes pasos de la evolución, los incrementos de complejidad, las exploraciones de nuevos espacios de diseño, no consisten en una mera acumulación de ínfimas variaciones fijadas por la selección natural en la inmensidad del tiempo. Esas grandes innovaciones muestran tozudamente una pauta, un *método en su locura:* son acontecimientos singulares, relativamente súbitos, sin evidencias de transición gradual, y han ocurrido una sola vez en la historia de la Tierra.

Cuando uno se detiene a analizar las tripas genéticas de esos acontecimientos singulares, lo que suele encontrar no son lentas y penosas sustituciones de una letra por otra en el ADN, ni ínfimos sesgos en las sutiles curvas de una proteína. Estas *mutaciones puntuales* ocurren, por supuesto, pero que ocurran no es más que un signo de que el tiempo pasa, y de que ninguna fotocopiadora es perfecta. Los acontecimientos singulares de la evolución suelen ir acompañados de sucesos modulares en los genomas que los experimentan: incorporaciones de genomas completos, duplicaciones de sistemas integrados preexistentes, reutilizaciones de estrategias complejas cuya eficacia ya había sido probada con anterioridad. Módulos preexistentes que suman sus bien conocidas fuerzas, como en el origen del jazz.

El resultado inicial de los sucesos modulares es imperfecto, como el jazz de 1910, y requiere mucho pulido gradual posterior, basado en la selección natural. Pero el suceso modular también abre espacios de diseño previamente inexplorados, genera soluciones nunca antes

atisbadas, crea verdadera novedad. Y la misma imperfección inicial es una indicación de la naturaleza no darwiniana del proceso, porque Darwin sólo nos permite fijar los cambios que supongan un incremento de adaptación al entorno, por mínimo que sea, y la imperfección nunca puede ser adaptativa. La evolución modular no está dirigida por el entorno, sino impulsada desde dentro del genoma, según recetas que muy poco tienen que ver con la adaptación darwiniana y la supervivencia del más apto.

¿Hay progreso en la evolución? La ortodoxia darwinista siempre ha estado dividida sobre esta cuestión, como lo estaba el propio Darwin. La selección natural no garantiza ninguna tendencia evolutiva sostenida, ni hacia el incremento de complejidad ni hacia ninguna otra parte. Todo son adaptaciones locales, transitorias, carentes de norte. Las bacterias no tienen por qué evolucionar hacia la formación de organismos pluricelulares y, de hecho, la aparición de éstos no molestó lo más mínimo a aquéllas, que siguieron practicando su discreto y eficaz estilo de vida sin inmutarse un ápice. Nada obligó a los metazoos radiales a evolucionar hacia Urbilateria, y ahí siguen las medusas 600 millones de años después de aquello. Sin embargo, algunos darwinistas ortodoxos como Theodosius Dobzhansky no dudaron en confesar que habían abrazado la selección natural como única garantía del cumplimiento del plan divino: una escalera al cielo que sólo podía conducir a la evolución del ser humano, la cima de la Creación.

La evolución modular permite mirar al problema del progreso desde un ángulo más sensato. Un suceso modular puede ser todo lo azaroso y errático que se quiera, pero su resultado tiene una probabilidad apreciable de generar progreso. Si varias bacterias se asocian en simbiosis, el resultado será probablemente una entidad más compleja que sus precedentes, por la sencilla razón de que el conjunto de varias cosas suele ser más complejo que una sola cosa. Una fila de diez genes Hox con sus baterías integradas de genes *downstream* es evidentemente un sistema más complejo que un solo gen Hox con la misma batería. La reutilización del sistema genético de polaridad segmental para dibujar círculos en las alas de las mariposas *crea* unos círculos que antes, simplemente, no existían. Nada de esto es consecuencia de una tendencia evolutiva sostenida, siempre difícil de explicar bajo los rígidos esquemas de la selección natural. Es consecuencia de la naturaleza aditiva de la evolución modular. Los módulos se incorporan, se duplican, se reutilizan, con el resultado inevitable de un incremento de complejidad. No estoy seguro de que Dobzhansky estuviera dispuesto a llamar «progreso» a esos

incrementos de complejidad, pero yo no veo problema en utilizar esa palabra. La selección natural no es una fuente natural de progreso en biología. La evolución modular sí lo es.

¿Y qué hay de usted y de mí, lector? Si la evolución es una ciencia tan interesante es porque afecta inevitablemente a la percepción de nuestra propia naturaleza, a la cuestión inmensa del origen de la consciencia, de la inteligencia, de la creatividad, y ninguna reflexión sobre el darwinismo estaría completa sin medirse contra esas abrumadoras alturas. Es muy probable que los sucesos modulares subyazcan a la rápida evolución del cerebro humano, porque el cerebro no es más que un trozo de cuerpo, y se construye siguiendo los mismos principios básicos que los segmentos de los insectos, las alas de las mariposas y los ojos de los pulpos. La evolución modular es la explicación más probable de las múltiples discontinuidades que se observan en el registro fósil de los homínidos, y recordemos que la última de esas discontinuidades nos trajo a nosotros al mundo hace unos 50.000 años. Lo que ocurre es que, en el caso de un órgano —el cerebro— cuya especialización es precisamente intercambiar información con el mundo externo, el papel de la selección natural, es decir, de la adaptación a ese mismo mundo externo, ha tenido probablemente una importancia capital.

Para mí constituye una grandiosa paradoja que buena parte del mundo científico aceptara la teoría de Darwin para todo *excepto* para la evolución de la sacrosanta mente humana, que de algún modo debía quedar a salvo de la barbarie mecanicista de la selección natural. Porque si hay un dispositivo biológico que apesta a adaptación darwiniana por todos los poros, ése es precisamente la mente humana. Nuestra consciencia, nuestra inteligencia y nuestra creatividad, en parte heredadas de los primates, y en parte amplificadas en cadena por la invención evolutiva del lenguaje, constituyen un caso escandaloso de adaptación para el manejo casi instantáneo de informaciones muy complejas sobre el mundo y sobre los demás individuos, una habilidad que sin duda ha resultado crucial en el pasado de nuestro linaje. Nada en la consciencia humana tiene sentido si no es a la luz de la adaptación darwiniana por selección natural. Y el efecto Baldwin constituye una poderosísima herramienta a su servicio. Una herramienta tan eficaz como el lamarckismo, pero que no escapa de las fronteras del darwinismo ortodoxo. Me complace que este libro haya resultado al final tan poco dogmático. Y ahora perdónenme, que he quedado para tocar la guitarra.

Bibliografía

Appleman, Philip (2001). «Darwin: On Changing the Mind», incluida en *Darwin,* tercera edición, Norton Critical Editions.

Arsuaga, Juan Luis (2001). *El enigma de la esfinge,* Areté.

Ayala, Francisco J. (2000). «La evolución y la herencia biológica», en *La ciencia en tus manos,* dirigida por Pedro García Barreno, Espasa.

Bisiach, E. y C. Luzzatti (1978). «Unilateral neglect of representational space», *Cortex,* 14, pp. 129-133.

Conway Morris, Simon (1991). «Rewinding the tape», *Tunes Literary Supplement,* 13 de diciembre de 1991.

Brochier, C. y Hervé Philippe (2002). «Phylogeny: A non-hyperthermophilic ancestor for bacteria», *Nature,* 417:6886, 244.

Chomsky, Noam (1988). *Language and problems of knowledge: the Managua lectures,* MIT Press.

Crick, Francis (1981). *Life itself. Its origin and nature,* Simon and Schuster.

Crick, Francis y Peter A. Lawrence (1975). «Compartments and polyclones in insect development», *Science,* 189:4200, pp. 340-347.

Dawkins, Richard (1986). *El relojero ciego,* edición española de Tusquets (1994).

— (1995). *El río del Edén,* edición española de Debate (2000).

— (1996). *Escalando el monte improbable,* edición española de Tusquets (1998).

Dennett, Daniel (1995). *La peligrosa idea de Darwin,* edición española de Galaxia Gutenberg (1999).

Dobzhansky, Theodosius (1937). *Genética y el origen de las especies,* edición española Círculo de Lectores (1997).

Edelman, Gerald M. y Giulio Tononi (2000). *A universe of consciousness.* Basic Books (edición española de Crítica, 2002).

Eldredge, Niles (1995). En *Reinventing Darwin: The great debate at the high table of evolutionary theory,* John Wiley & Sons.

Gavin, Anne-Claude y colaboradores (2002). «Functional organization of the yeast proteome by systematic analysis of protein complexes». *Nature,* 415, pp. 141-147.

Gould, Stephen J. (1977). *Onthogeny and Phylogeny,* Belknap Harvard.

— (1980). «¿Está emergiendo una nueva teoría general de la evolución?», *Paleobiology,* 6, 119.

— (1982). *The uses of heresy,* introducción a la reedición de 1982 de *The material basis of evolution,* de Richard Goldschmidt, Yale University Press.

— (1989). «Tires to sandals», *Natural History,* número de abril de 1989.

— (1991). «Opus 200», en *Natural History,* número de agosto de 1991, páginas 12-18.

— (1999). «The human difference». *The New York Times,* 2 de julio de 1999.

— (2002). *«The structure of evolutionary theory»,* Belknap Harvard.

Hall, John y David Luck (1995). «Basal body-associated DNA: in situ studies in Chlamydomonas reinhardtii», *Proc. Natl. Acad. Sci. USA,* 92:11, 5129-33.

Hartman, Hyman y Alexei Fedorov (2002). «The origin of the eukaryotic cell: a genomic investigation», *Proc. Natl. Acad. Sci. USA,* 99:3, 1420-25.

Keys, D. N. y colaboradores (1999). «Recruitment of a *hedgehog* regulatory circuit in butterfly eyespot evolution», *Science,* 283:5401, pp. 532-534.

Lewis, Edward B. (1995). «Discurso Nobel», Fundación Nobel de Estocolmo.

Maniatis, Tom y Robin Reed (2002). «An extensive network of coupling among gene expression machines», *Nature,* 416:6880, 499-506.

Margulis, Lynn (1998). *Symbiotic Planet,* Basic Books.

Morata, Ginés y Peter A. Lawrence (1975). «Control of compartment development by the *engrailed* gene in Drosophila», *Nature,* 255:5510, pp. 614-617.

Neumann, Carl y Christiane Niisslein Volhardt (2000). «Patterning of the zebrafish retina by a wave of Sonic Hedgehog activity», *Science,* 289:5487, 2137-9.

Ruse, Michael (2001). *El misterio de los misterios,* Tusquets.

Sagan, Carl (1985). *Contacto,* edición española de 1997, Plaza y Janés.

Sagan, Lynn (1967). «On the origin of mitosing cells», *Journal of Theoretical Biology,* 14:3, pp. 255-274.

Sánchez Herrero, Ernesto, Isabel Vemos, Roberto Marco y Ginés Morata (1985). «Genetic organization of Drosophila *bithorax* complex», *Nature,* 313:5998, pp. 108-113.

Schopf, J. William (2000). «Solution to Darwin's dilemma: Discovery

of the missing Precambrian record of life», *Proc. Natl. Acad. Sci. USA,* 97:13, 6947-6953.

Sperry, Roger W. (1966). «Brain bisection and consciousness», en *Brain and conscious experience,* editado por J. C. Eccles, Springer Verlag.

Templeton, Alan (2002). «Out of Africa again and again». *Nature,* 416:6876, pp. 45-51.

Valentine, James W., David Jablonsky y Douglas H. Erwin (1999). «Fossils, molecules and embryos: new perspectives on the Cambrian explosion», *Development* 126, pp. 851-859.

Glosario

Los asteriscos remiten a los vocablos definidos en este glosario.

ADN. (También llamado DNA.) Siglas de Ácido DesoxirriboNucleico. Su estructura es la célebre doble hélice, pero la mejor forma de entender la esencia del ADN es olvidarse de que tiene forma de hélice (*hélice* no es más que el nombre que dan los geómetras a un muelle), e imaginarlo como una escalera de mano. Cada peldaño de esa escalera es un par de bases*: o bien el par A-T, o bien el par G-C (la estructura química de las bases sólo permite esas dos combinaciones). En cada listón de la escalera, sin embargo, las bases pueden estar en cualquier orden: …AAGATCTTGAGGC… Si serramos todos los peldaños (es decir, si separamos cada par de bases en sus dos bases componentes), cada mitad de la escalera puede reconstruir a la otra mitad, debido a las reglas inviolables de apareamiento: ése es el fundamento de la replicación*, el secreto de la vida, ya que, donde antes había una escalera, ahora hay dos escaleras idénticas. Lo único que es distinto entre dos genes distintos es *el orden* de las bases en cada hilera. La información genética, por tanto, está contenida en ese orden, que se llama *secuencia,* al igual que la información literaria está contenida en el orden de las letras en un texto (véanse *traducción** y *código* genético).*

ácidos nucleicos. Nombre genérico del ADN y el ARN.

adaptacionismo. Tendencia a creer que todas las estructuras y propiedades de un ser vivo son el resultado de cambios adaptativos.

adaptativo. Cambio (en la forma de un órgano, o en la función de una parte del cuerpo, o en la secuencia de un gen) que produce un incremento de su utilidad en un entorno dado. Si un cambio es adaptativo, su causa principal debe ser la selección natural. No existe otra teoría que pueda explicar las adaptaciones (innatas, claro) al entorno.

afinidad. Fuerza con que una molécula se pega a otra. Una proteína Hox, por ejemplo, puede tener más o menos afinidad por la zona reguladora de un gen *downstream.*

alelo. Cada forma mutante que puede adoptar un mismo gen.

alopátrico. Modelo de especiación (formación de nuevas especies) ideado por Sewall Wright y extendido por Ernst Mayr. Cuando una pequeña población queda separada del resto de la especie por alguna barrera geográfica, su mera pequeñez hace que acumule cambios genéticos con relativa rapidez.

aminoácido. Las proteínas no son más que *rosarios* de centenares de aminoácidos, pegados uno tras otro en fila india. Sólo hay 20 aminoácidos distintos. Una proteína sólo se distingue de otra en el orden exacto (la *secuencia*) de sus aminoácidos. La forma tridimensional de una proteína, que suele ser el fundamento de su función, viene definida por su secuencia de aminoácidos, porque las afinidades* de ciertos aminoácidos por ciertos otros conducen a un plegamiento muy preciso del *rosario*.

ARN. (También llamado RNA.) Siglas de Ácido RiboNucleico. Muy parecido al ADN*, pero con una sola hilera de bases. (Tiene otras dos diferencias químicas, pero no necesitamos entrar en ello.) Se forma así: la doble hilera del ADN se abre, y sobre una de las hileras se van añadiendo nuevas bases una a una, siguiendo las reglas de apareamiento (A con T, G con C). Éste proceso se llama *transcripción**, y su resultado es una hilera de ARN *que tiene la misma secuencia de bases* que una de las hileras del ADN que le ha servido como molde (en concreto, la hilera opuesta a aquélla que *físicamente* le ha servido como molde).

ARN mensajero. El ADN de un gen no se traduce* directamente a proteína. Primero se *transcribe** en un ARN mensajero, que tiene la misma secuencia de bases que una de las dos hileras del gen. En las células eucariotas, es el ARN mensajero el que sale del núcleo para acceder a la maquinaria de traducción*.

arqueas. (También llamadas arqueobacterias.) Son muy similares a las bacterias (para algunos científicos, no son más que bacterias un poco raras), pero están adaptadas a condiciones muy extremas de temperatura, acidez, etcétera. Según la clasificación de Carl Woese constituyen uno de los tres reinos fundamentales de la vida —bacterias, arqueas y eucariotas—, pero no todo el mundo acepta esa clasificación, sobre todo últimamente.

base. Unidad del ADN (y del ARN). Sólo son cuatro: adenina (A), guanina (G), citosina (C) y timina (T). En el ARN, la timina se sustituye por una base similar, el uracilo (U). Siempre se aparean G con C, y A con T (o U).

bauplan. Plan fundamental de diseño común a un amplio grupo de especies, por oposición a las variaciones más o menos superficiales

que distinguen a unas especies de otras. Según la tradición morfológica alemana, el *bauplan* es la clave para entender el mundo vivo. Según Richard Dawkins, el *bauplan* es un mito alemán.

capas germinales. Los embriones de casi todos los animales atraviesan muy pronto una fase con forma de esfera hueca (o de pepino hueco, como mucho) llamada gástrula. La superficie de la esfera tiene tres capas. Lo de menos es que esas tres capas se llamen ectodermo, mesodermo y endodermo. Lo que importa es que cada una de ellas siempre da lugar, en todos esos animales, a los mismos tipos de tejidos: el ectodermo, a la piel y el sistema nervioso; el mesodermo, a los músculos; y el endodermo, al tubo digestivo y sus órganos asociados.

citoplasma. La célula menos el núcleo.

cloroplasto. Orgánulo* de las células vegetales donde tiene lugar la fotosíntesis.

codificar. Los genetistas repiten continuamente que un gen *codifica* una proteína, y no les falta razón. Quizá sería mejor decir que un gen *significa* una proteína, pero ya es tarde para ello.

código genético. Pequeño diccionario que traduce cada serie de tres bases del ADN (cada *codón,* que se dice) por el aminoácido que ese codón significa (o *codifica*). No debe usarse como sinónimo de ADN, ni de gen, ni de genoma (aunque eso es precisamente lo que suele hacer todo el mundo).

deleción. Agujero en el ADN, que se puede llevar desde una sola base hasta varios millones de ellas.

diploblástico. Medusas, hidras, anémonas (ortiguillas) y otros animales primitivos, con sólo dos capas* germinales: el ectodermo y el endodermo. Casi todos tienen simetría radial, es decir, que tienen la estructura de una rueda de bicicleta.

downstream. Gen regulado por un gen regulador (es decir, activado o reprimido por una proteína reguladora *codificada* por un gen regulador, véase gen*).

enzima. Proteína especializada en catalizar reacciones químicas.

especiación. Formación de nuevas especies.

eucariota. Ser vivo compuesto por células eucariotas: todos menos las bacterias y las arqueas. La célula eucariota (a diferencia de la procariota, es decir, de las bacterias y las arqueas) tiene el ADN empaquetado en un núcleo, y también mitocondrias, cloroplastos (sólo en plantas) y un sistema de microtúbulos y compartimentos especializados, entre otras muchas características únicas.

exón. Los exones son los segmentos de un gen que acaban representados en la proteína. Véase *splicing*.*

gen. Un gen es un segmento de ADN que puede medir mil bases o cien mil bases, pero que contiene la información para construir una proteína. Cada gen tiene una parte codificadora, que es la que se traduce a proteína, y una parte reguladora, que le dice al gen dónde y cuándo debe activarse (*expresarse*, en la jerga). La parte reguladora interactúa continuamente con proteínas que la activan o la reprimen, y esas proteínas se llaman también reguladoras. Los genes Hox *codifican* proteínas reguladoras de ese tipo, y por eso se les llama también a ellos «genes reguladores» (lo que no impide que ellos tengan su propia zona reguladora para saber dónde deben *expresarse* ellos mismos). La genética conduce muy a menudo a este tipo de metajuegos, redes y bucles autoalusivos. Es en *eso* en lo que la genética se parece a los lenguajes humanos (y a este glosario).

genoma. Conjunto de los genes de un ser vivo. También puede significar: todo el ADN de un ser vivo. No es exactamente lo mismo, porque buena parte del ADN no parece servir para nada.

homeobox. Secuencia de 180 bases común (con variaciones) a todos los genes Hox, y a varios otros genes cruciales para el desarrollo y la evolución animal. La secuencia de ADN *codifica* una secuencia de 60 aminoácidos de las proteínas Hox, cuya función es unirse a las zonas reguladoras de otros genes (los genes *downstream*) para activarlos o reprimirlos.

intrón. Segmento de ADN que interrumpe a la secuencia codificadora. Véase *splicing*.*

metámero. Unidad repetitiva del cuerpo. Por ejemplo, un segmento de un insecto, o una vértebra de una vaca. Se usa también el verbo metamerizar, casi siempre en un contexto embriológico («la langosta se metameriza durante la fase de proliferación celular») o evolutivo («la metamerización de los artrópodos»).

metazoo. Animal.

microbio. No es un término técnico. Lo uso para referirme a cualquier ser unicelular, sea procariota (bacterias y arqueas) o eucariota (protistas, algas unicelulares).

mitocondria. Orgánulo *(pequeño órgano)* interior de la célula, que se ocupa de transformar los nutrientes y el oxígeno que respiramos en energía química útil. Cada célula contiene muchas mitocondrias.

mutación. Alteración de un gen. Las mutaciones más habituales consisten en la sustitución de una letra *(base)* por otra en el ADN que provoca un cambio de aminoácido en la proteína. Más grave aún es que el cambio de base transforme un codón (serie de tres letras en el ADN) que antes *significaba* un aminoácido en un codón *de terminación*, que provoca que la proteína se interrumpa en ese punto. Otras

mutaciones ocurren en la zona reguladora de los genes: en estos casos, la proteína permanece intacta, pero desaparece en ciertos tejidos o tiempos, o aparece en tejidos y tiempos incorrectos.

neodarwinismo. (También llamado teoría sintética, o síntesis neodarwiniana). A principios del siglo XX, la genética, con sus efectos bruscos y discretos, parecía refutar el gradualismo darwiniano. En los años treinta, Fisher, Wright, Dobzhansky y otros mostraron que no había contradicción: la combinación de muchas mutaciones podía generar una gama continua de variación morfológica. Esa síntesis entre el darwinismo y la genética, con las simples ecuaciones que describen las variaciones genéticas en las poblaciones, se conoce como neodarwinismo, teoría sintética o síntesis neodarwiniana.

nucleótido. Base, o letra del ADN. Estos términos no son exactamente sinónimos, pero las diferencias no importan para entender el contenido de este libro.

orgánulos. *Pequeños órganos*, o compartimentos especializados en el interior de la célula. Dos ejemplos son las mitocondrias* y los cloroplastos*.

Phyla. Plural de *Phylum.*

Phylum. Gran familia que incluye a un enorme número de especies que comparten un plan básico de diseño. Ejemplos: *phylum* de los vertebrados, *phylum* de los artrópodos, etcétera.

procariota. Uno de los dos tipos esenciales de células que existen (el otro es la célula eucariota). No tiene núcleo, ni esqueleto de microtúbulos, ni mitocondrias. Hay dos tipos de procariotas: las bacterias y las arqueas.

proteína. Una proteína típica es un rosario de unos 300 aminoácidos (pero las hay de 30 aminoácidos, y las hay de mil). La secuencia (orden exacto en el rosario) de los aminoácidos provoca que la proteína se pliegue de una forma y no de otra, gracias a las afinidades y repulsiones entre unos y otros aminoácidos. Las proteínas ejecutan todas las tareas de la célula: catalizan reacciones químicas, forman canales en la membrana que dejan pasar ciertas sustancias y no otras, se asocian para formar estructuras como el citoesqueleto, replican, transcriben y traducen el ADN, y todo lo demás. Un gen no es más que la información necesaria para fabricar una proteína (la secuencia de bases en el gen define la secuencia de aminoácidos en la proteína, que a su vez define su plegamiento y por tanto su función). Ésta es la segunda mitad del secreto de la vida (la primera es la replicación*).

protistas. (También llamados protoctistas). Eucariotas unicelulares.

radial. La rueda de una bicicleta tiene simetría radial. Los animales más primitivos (metazoos diploblásticos como las hidras, las anémonas y las medusas) tienen simetría radial. A partir de Urbilateria, los animales modernos tienen simetría* bilateral (con excepciones secundarias como los erizos de mar).

replicación. La doble hélice del ADN se separa en sus dos hileras componentes, y cada hilera reconstruye a la otra gracias a las reglas fijas de apareamiento de bases (A con T, C con G). Resultado: donde antes había un objeto, ahora hay dos objetos idénticos. Ésta es la primera mitad del secreto de la vida (la segunda es la forma en que los genes definen a las proteínas*).

secuencia. Orden exacto de las bases en el ADN (o en el ARN), o de los aminoácidos en una proteína.

secuenciar. Describir la secuencia (de un gen, de 30.000 genes o de lo que sea).

simetría bilateral. La característica de los animales modernos, es decir, de Urbilateria y sus descendientes. El lector es uno de ellos: tiene una mitad izquierda y una mitad derecha, y la una es la imagen especular de la otra.

simetría radial. Véase radial*.

síntesis neodarwiniana. Neodarwinismo*,o teoría sintética.

Splicing. Los genes eucariotas (y algunos procariotas) tienen su secuencia codificante (la que se traduce a proteína) dividida en varios exones. Entre un exón y el siguiente hay un intrón, que no codifica nada. El *splicing* es el proceso por el que (en el ARN mensajero) se eliminan los intrones y se vuelven a pegar los exones entre sí. Sólo entonces se puede *leer* el gen.

teoría sintética. Neodarwinismo.*

traducción. Conversión de la secuencia de bases del ADN (o más exactamente, del ARN) en la secuencia de aminoácidos de una proteína. El diccionario que transforma una en otra se llama *código* genético.*

transcripción. Copiado en ARN de una de las dos hileras del ADN.

triploblástico. Animal con tres capas* germinales: ectodermo, mesodermo y endodermo. Los animales bilaterales (Urbilateria y sus descendientes) somos triploblásticos. Los animales primitivos (hidras, anémonas, medusas y otros metazoos de simetría radial) son diploblásticos: carecen de mesodermo.

Urbilateria. El primer animal bilateral (y triploblástico) de la historia de la Tierra. Nadie lo ha visto por ahí, pero su existencia y sus propiedades pueden inferirse con argumentos genéticos y evolutivos.



JAVIER SAMPEDRO PLEITE (Madrid, 1960). Es un científico y periodista español. Se doctoró en genética y biología molecular, y fue investigador del Centro de Biología Molecular Severo Ochoa de Madrid y del Laboratorio de biología molecular del Medical Research Council de Cambridge. En 1995 comenzó a publicar artículos de divulgación científica en *El País,* algunos de ellos recopilados en libro; y en el sitio web de ese periódico ha dirigido algunos blog de contenido científico.